

F Recursos Genéticos y Programas de Mejoras

F1 POSTER

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE JAVALIS (*Sus scrofa scrofa*), HÍBRIDOS E SUÍNOS POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES (STRs)

PAULA VIANA CORREA DA SILVA, JEFFREY FREDERICO LUI, ADERBAL CAVALCANTE NETO, LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO, SELMA DE FÁTIMA GROSSI, DAVI NOGUEIRA MACIEL ALVES.

F2 POSTER

MARKER ASSISTED SELECTION ON A NELLORE BREEDING PROGRAM

F.M. REZENDE, J.B.S. FERRAZ, J.P. ELER, R.C.G. SILVA, N. IBÁÑEZ-ESCRICHE

F3 POSTER

IMPACT OF INCORPORATING IGENITY MOLECULAR BREEDING VALUES ON THE ACCURACY OF PREDICTING EXPECTED PROGENY DIFFERENCE IN NELLORE BEEF CATTLE

J. B.S. FERRAZ, F.M. REZENDE, J.P. ELER, E.C.M. OLIVEIRA, R.C.G. DA SILVA, X. WU, S. BAUCK

F4 POSTER seleccionado como presentacion oral

ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS FOR FOUR ECONOMICAL TRAITS AND THEIR IGENITY MOLECULAR BREEDING VALUES IN NELLORE BEEF CATTLE

J.B.S. FERRAZ, F.M. REZENDE, J.P. ELER, E.C.M. OLIVEIRA, L.G.G. FIGUEIREDO, R.C.G. DA SILVA, X-L. WU, S. BAUCK, E. GROENEVELD

F5 POSTER

EFFECT OF GENOTYPE AND HAIR LENGTH ON PHYSIOLOGICAL CONSTANTS, MILK YIELD, AND CALVING INTERVAL IN CROSSBRED TROPICAL COWS

ESQUIVEL-VILLALOBOS, C., LANDAETA-HERNÁNDEZ, A.J., TAYLOR, R., CAMACHO, J., URDANETA-FERNÁNDEZ, M., SOTO-BELLOSO, E., OLSON, T.A.

F6 POSTER

EFFECT OF CROSSING BETWEEN BIRDS OF DIFFERENT GENOTYPES FOR USE IN ALTERNATIVE BROILER SYSTEMS

C. STEFANELLO, A. P. ROSA, O. B. BRUM, E. R. DIAS

F7 POSTER

EVALUATION OF CROSSES BETWEEN DIFFERENT GENOTYPES OF BIRDS ON THE CARCASS, LEGS (THIGH AND DRUMSTICK) AND BREAST AT 56 DAYS OLD

C. STEFANELLO, A.P. ROSA, O. B. BRUM, E.R. DIAS, R. UTTAPATEL

F8 POSTER

JERARQUIZACIÓN DE BOVINOS SUIZO EUROPEO CON BASE EN EVALUACIÓN GENÉTICA Y CALIFICACIÓN EN JUZGAMIENTO DE GANADO

RODOLFO RAMÍREZ-VALVERDE, RAFAEL NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, ANTONIO DELGADILLO-ZAPATA

F9 POSTER

GENETIC ASSOCIATION BETWEEN POSTWEANING GAIN, HEIFER PREGNANCY, SCROTAL CIRCUMFERENCE, STAYABILITY AND FINISHING VISUAL SCORE IN NELLORE CATTLE

JOANIR PEREIRA ELER, MÁRIO LUIZ SANTANA JR., JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ AND ELISÂNGELA CHICARONI MATTOS

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F10 POSTER

COMPARACIÓN DE EVALUACIONES GENÉTICAS NACIONALES PARA SEMENTALES BOVINOS SUIZO AMERICANO USADOS EN MÉXICO Y LOS ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA

RAFAEL NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, RODOLFO RAMÍREZ-VALVERDE, ANA PALACIOS-JIMÉNEZ

F11 POSTER

IDENTIFICATION OF A SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM IN THE JY-1 GENE IN NELLORE CATTLE

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, FERNANDA M. M. GIL, DIERCLES F. CARDOSO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, LARISSA ZETO UNI, CAMILA U. BRAZ, FÁBIO R. P. DE SOUZA, FERNANDO BALDI, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE, LUCIANA C. DE A. REGITANO, HUMBERTO TONHATI

F12 POSTER

MONOMORPHISM FOR PARTIAL REGION OF EXON 3 OF JY-1 GENE IN NELLORE HEIFERS

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, FERNANDA M. M. GIL, DIERCLES F. CARDOSO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, LARISSA ZETO UNI, CAMILA U. BRAZ, FÁBIO R. P. DE SOUZA, FERNANDO BALDI, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE, LUCIANA C. DE A. REGITANO, HUMBERTO TONHATI

F13 POSTER

POLIMORFISMO (-1.689) EN EL GEN DE ALFA-LACTOALBÚMINA (A-LA) Y SU RELACIÓN CON LA PRODUCTIVIDAD LECHERA DEL GANADO BLANCO Y NEGRO EN LA REPÚBLICA DE BELARÚS

NORIS ROA, MARIYA MIKHAILOVA, NATALIA VOLCHOK, KARIN DRESCHER, BELAYA EV, KAMYSH NA, NI TIKHANOVICH, MEDVEDEVA YV,

F14 POSTER

CRUZAMIENTOS EN BOVINOS PARA CARNE EN LA REGIÓN PAMPEANA ARGENTINA

MELUCCI, L.M.; URIBE, M.J. MORONTA, M. Y COLATTO, E.

F15 POSTER seleccionado como presentación oral

AVANCES EN LA EVALUACIÓN DE CRUZAMIENTOS ROTATIVOS CON DOS RAZAS BOVINAS EN SISTEMAS AGROFORESTALES EN LA ORINOQUÍA COLOMBIANA

ARIOSTO ARDILA Y LILIANA CHACÓN

F16 POSTER

MEDIDAS MORFOMÉTRICAS DE BÚFALAS MURRAH DO RECÔNCAVO BAIANO, BRASIL

KALIANE NASCIMENTO DE OLIVEIRA, MARIA VANDERLY ANDRÉA, ROGÉRIO SANTOS CERQUEIRA, CLODOALDO M. MACEDO JUNIOR, CINTIA RIGHETTI MARCONDES, RAFAEL AUGUSTO CRUZ SALES, DANIELE RIBEIRO DOS SANTOS, JEANE LUCARDIA DOS SANTOS DANTAS

F17 POSTER

MATURIDADE SEXUAL DE NOVILHAS ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS

JOSÉ CARLOS FERRUGEM MORAES

F18 POSTER

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE LAS PEZUÑAS Y LOS DEDOS EN VACAS DE LA RAZA CARORA

MARIO RIERA-NIEVES, VICENTE VILA-VALS, LUIS NIEVES-CRESPO¹; MARIA L. PÉREZ-AREVALO, JOSE IVAN GAVIDIA-TERÁN, GLADIS HIDALGO

F19 POSTER

PARTIAL CHARACTERIZATION OF EXON 3 OF JY-1 GENE IN *Bos taurus indicus*.

HUMBERTO TONHATI, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, FERNANDA M. M. GIL, DIERCLES F. CARDOSO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, LARISSA ZETO UNI, CAMILA U. BRAZ, FÁBIO R. P. DE SOUZA, FERNANDO BALDI, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE, LUCIANA C. DE A. REGITANO

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F20 POSTER

CHARACTERIZATION OF EXON 1 OF JY-1 GENE IN *Bos taurus indicus*.

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, FERNANDA M. M. GIL, DIERCLES F. CARDOSO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, LARISSA ZETO UNI, CAMILA U. BRAZ, FÁBIO R. P. DE SOUZA, FERNANDO BALDI, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE, LUCIANA C. DE A. REGITANO, HUMBERTO TONHATI

F21 POSTER

DAIRY GOAT GENETIC EVALUATION FOR MILK TRAITS USING A SELECTION INDEX

VALENCIA-POSADAS, M., TORRES-VÁZQUEZ, J.A., MONTALDO, H.

F22 POSTER

POLIMORFISMO DEL GEN PROLACTINA Y SU RELACIÓN CON PRODUCCIÓN DE LECHE EN GANADO SUIZO AMERICANO

EDY ALFONSO, JOSÉ G. HERRERA, REYNA ROJAS, MARÍA E. ORTEGA, CLEMENTE LEMUS Y CÉSAR CORTEZ

F23 POSTER

SINGLE-NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IN THE GH RECEPTOR GENE AND THEIR EFFECTS ON GROWTH, FEED EFFICIENCY AND CARCASS TRAITS IN NELLORE (*Bos indicus*) CATTLE

F24 POSTER

AValiação GENÉTICA DE BOVINOS NELORE PARA PESOS ATÉ A DESMAMA SOB DIFERENTES MODELOS.

LILLIAN PASCOA, ARACADIO DE LOS REYES, MAURICIO ELZO, INSTITUTO FEDERAL DE BRASÍLIA,

F25 POSTER

TENDÊNCIAS E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS DA IDADE AO PRIMEIRO PARTO E DOS INTERVALOS DE PARTOS EM BÚFALAS MURRAH DA BAHIA, BRASIL

CINTIA RIGHETTI MARCONDES, JEANE LUCARDIA DOS SANTOS DANTAS, KALIANE NASCIMENTO DE OLIVEIRA, DANIELE RIBEIRO DOS SANTOS, RAFAEL AUGUSTO CRUZ SALES, DAIANE LAGO NOVAIS, PHILIPPE BRITO DE OLIVEIRA, JUSALINE FERNANDES VIEIRA, MARIA VANDERLY ANDRÉA

F26 POSTER

INFLUÊNCIA DA LINHAGEM SOBRE CARACTERES PRODUTIVOS DA RAÇA CANCHIM

CINTIA RIGHETTI MARCONDES¹, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR¹, PEDRO FRANKLIN BARBOSA²

F27 POSTER

ESTUDO DA COMPOSIÇÃO GENÉTICA DE REBANHO-NÚCLEO DA RAÇA CANCHIM POR MEIO DE ANÁLISE DE PEDIGREE: RESULTADOS PRELIMINARES

CINTIA RIGHETTI MARCONDES, PEDRO ALEJANDRO VOZZI, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR

F28 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS A LAS CÉLULAS SATELITE PRESENTES EN EL TEJIDO MUSCULAR DE TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V., MACHADO, P., ESPASANDÍN, A.C., PEREYRA, F., CARRIQUIRY, M.

F29 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS A ADIPOGENESIS INTRAMUSCULAR DE TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V.; MACHADO, P.; ESPASANDÍN, A.C.; PEREYRA, F.; CARRIQUIRY, M.

F30 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS CON EL CRECIMIENTO Y DESARROLLO DEL TEJIDO MUSCULAR EN TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V., MACHADO, P., ESPASANDÍN, A.C., PEREYRA, F., CARRIQUIRY, M.

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F31 POSTER

ASOCIACIONES GENÉTICAS ENTRE FIBRAS MEDULADAS, PRODUCCIÓN Y DIÁMETRO DE LANA EN CORRIEDALE

ANA L. SÁNCHEZ, JORGE I. URIOSTE, KARINA NEIMAUER, INÉS SIENRA, ROBERTO KREMER

F32 POSTER

ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMO 878TC Y 17924AG CON LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN LECHE EN GANADO FRISON NEGRO CHILENO

KARLA INOSTROZA, ERICK SCHEUERMANN, NÉSTOR SEPÚLVEDA

F33 POSTER

MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CURVA DE PRODUÇÃO DE OVOS ACUMULADA EM CODORNAS DE CORTE

VIVIAN PAULA SILVA FELIPE, LUCIANA SALLES DE FREITAS, RAFAEL BASTOS TEIXEIRA, ROBLEDO ALMEIDA TORRES, MARTINHO DE ALMEIDA E SILVA

F34 POSTER

AVALIAÇÃO DA TEMPERATURA RETAL E FREQUÊNCIA RESPIRATÓRIA EM BOVINOS LEITEIROS COMO FERRAMENTA DE SELEÇÃO PARA TERMOTOLERÂNCIA

SILVIA MANDUCA TRAPP, FLAVIO ANTONIO BARCA JUNIOR, FLAVIO GUSELLI LOPES, SILVIO RENATO OLIVEIRA MENEGASSI, CELSO KOETZ JUNIOR, WERNER OKANO, FLAVIO BACCARI JUNIOR

F35 POSTER

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA GORDURA E PROTEÍNA DO LEITE EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO

LUCIANA SALLES DE FREITAS, VIVIAN PAULA SILVA FELIPE, RUI DA SILVA VERNEQUE, MARIA GABRIELA CAMPOLINA DINIZ PEIXOTO, RAPHAEL ROCHA WENCESLAU, MARTINHO ALMEIDA E SILVA

F36 POSTER

ASSOCIATION BETWEEN A SNP OF IL2 GENE AND GASTROINTESTINAL RESISTANCE IN GOAT

BRESSANI F.A., TIZIOTO P.C., MEIRELLES S. L., MALAGÓ-JR W., GIGLIOTTI R., IBELLI A. M. G., COUTINHO, R. CARRILHO, E., ZAROS L. G., VIEIRA, L.S., REGITANO L.C.A.

F37 POSTER

ANÁLISIS GENEALÓGICO EN UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN DE LIMOUSIN DEL URUGUAY.

FERNANDO MACEDO, RODRIGO LÓPEZ, BEATRIZ MERNIES, ELLY A. NAVAJAS

F38 POSTER

DEPRESIÓN ENDOGÁMICA SOBRE PESO AL NACER EN UNA POBLACIÓN DE LA RAZA LIMOUSIN DEL URUGUAY

RODRIGO LÓPEZ CORREA, FERNANDO MACEDO, BEATRIZ MERNIES Y ELLY A. NAVAJAS

F39 POSTER

TESTING A SOFTWARE FOR PATERNITY EXCLUSION USING A HIGH DENSITY SNP CHIP AND NELORE CATTLE SAMPLES

M.A. MUDADO, P.C. TIZIOTO, F. SIQUEIRA, A.N. ROSA, R.A. TORRES, L.O.C. SILVA, L.C.A. REGITANO

F40 POSTER seleccionado como presentacion oral

IDENTIFICATION OF NEW GENES IN CATTLE OF DIFFERENT GENETIC GROUPS ACTIVATED IN RESPONSE TO TICK *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*

A.M.G. IBELLI, P.F. GIACHETTO, F.F. CARDOSO, R.H. HIGA, M.E.B. YAMAGISHI, M.C.S. OLIVEIRA, A.R.B. RIBEIRO, P.C. TIZIOTO, L.C.A. REGITANO

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F41 POSTER

UTILIZAÇÃO DE ENZIMAS DE RESTRIÇÃO PARA DETECÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE DO HORMÔNIO DO CRESCIMENTO EM *Coturnix japonica*

DÉBORA MARQUES VOLTOLINI, ELIANE GASPARINO, ANA PAULA DEL VESCO, STEFÂNIA CAROLINE CLAUDINO DA SILVA E LIEGE ALHER MARQUES.

F42 POSTER

INFLUENCE OF SNPS OF THE *MYODI* AND *MYF5* GENES ON CARCASS AND MEAT TRAITS IN NELORE BEEF CATTLE (*Bos indicus*) AND IN THEIR CROSSES WITH *Bos taurus*

ROGÉRIO ABDALLAH CURI, JOSINEUDSON AUGUSTO II V. SILVA, ANTÔNIO CARLOS SILVEIRA, HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA AND MARCÍLIO DIAS SILVEIRA DA MOTA

F43 POSTER

SISTEMA DE MONITORAMENTO A DISTÂNCIA DE MICROCOMPUTADORES UTILIZADOS EM AVALIAÇÕES GENÉTICAS DE POPULAÇÕES ANIMAIS.

E. C. DE MATTOS, J. B. S. FERRAZ, J. P. ELER, L. G. G. FIGUEIREDO, G. G. DA CUNHA

F44 POSTER

EXPRESSÃO DO MRNA COX III, NO MÚSCULO DO PEITO DE CODORNAS EM DIFERENTES IDADES

ANA PAULA DEL VESCO, ELIANE GASPARINO*, STEFÂNIA CAROLINE CLAUDINO DA SILVA, DEBORA MARQUES VOLTOLINI E LIEGE ALHER MARQUES.

F45 POSTER

ANÁLISE GENÉTICA DOS PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS

PATRICIA THOLON, ALBA REGINA ANDRADE MENDES, PATRÍCIA DE OLIVEIRA LIMA, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA, DIEGO BARROZO E SANDRA AIDAR DE QUEIROZ

F46 POSTER

ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS INDICADORAS DE TEMPERAMENTO E PRECOCIDADE SEXUAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

TIAGO DA SILVA VALENTE, MATEUS J. R. PARANHOS DA COSTA, FERNANDO BALDI, ALINE CRISTINA SANT'ANNA, PAOLA MORETTI RUEDA E LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE

F47 POSTER

ESTIMATION OF (CO)VARIANCE COMPONENTS AND GENETIC PARAMETERS FOR TICK RESISTANCE IN BEEF CATTLE MEASURED BY COUNTING IN TWO DIFFERENT BODY REGIONS¹

PATRÍCIA BIEGELMEYER, FERNANDO FLORES CARDOSO, CLÁUDIA CRISTINA GULIAS GOMES, VANERLEI MOZAQUATRO ROSO, NELSON JOSÉ LAURINO DIONELLO

F48 POSTER

PERFIL PROTEÔMICO DA CARNE DE BOVINOS NELORE COM GENÓTIPOS CONTRASTANTES PARA MACIEZ

BALIEIRO J. C. DE C., ROSA A. F., SILVA S. L., GOMES R. C., POLETI M. D., MONCAU C. C., SILVA V. A. M., CARITÁ A. G., FORESTI V. E., MATTOS E. C., ELER J. P.

F49 POSTER

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VELOCIDADE DE SAÍDA E ESCORES VISUAIS EM BOVINOS NELORE

MENEZES, L. M., PARANHOS DA COSTA, M. J. R., BOLIGON, A. A., ALBUQUERQUE, L. G., SANT'ANNA, A. C., RUEDA, P. M.

F50 POSTER

EFEITO DO GRUPO GENÉTICO SOBRE A OCORRÊNCIA DO LEITE INSTÁVEL NÃO ÁCIDO

RENATA SUÑÉ MARTINS DA SILVA, MYLENE MÜLLER, LAÍS FERNANDA MIELKE, ANNA LUIZA GEISLER MACIEL, PATRÍCIA PEREIRA D'AVILA, DARLEN E DOS SANTOS DALTRO

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F51 POSTER

GENETIC CORRELATION ESTIMATES BETWEEN TEMPERAMENT AND WEIGHT GAIN IN NELLORE BEEF CATTLE

ALINE CRISTINA SANT'ANNA, MATEUS JOSÉ RODRIGUES PARANHOS DA COSTA, PAOLA MORETTI RUEDA, FERNANDO BALDI, LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE

F52 POSTER

SEARCHING FOR SNP IN CAPNI GENE AND ITS ASSOCIATION WITH SHEAR FORCE IN NELLORE CATTLE

M.M. SOUZA, F.A. BRESSANI, P.C. TIZIOTO, W. MALAGÓ-JR., F. SIQUEIRA, A.N. ROSA, L.O. CAMPOS DA SILVA, R. DE ALMEIDA TORRES, S.R. MEDEIROS, R.R. TULLIO, M.M. ALENCAR, S.C. MÉO-NICIURA, L.C.A. REGITANO

F53 POSTER

GENETIC CHARACTERIZATION OF OVINE POPULATIONS BY MOLECULAR MARKER¹

W.V.B. SOARES, V.R. HERLING, G. GUTMANIS, A.J. PIVETTA, R.C.B. SILVA E M.N. RIBEIR, M. A. C. LARA

F54 POSTER

ASSOCIATION STUDY OF A CAST GENE SNP WITH MEAT TENDERNESS IN *Bos indicus* CATTLE.

M.M. SOUZA, S.C. MÉO-NICIURA, P.C. TIZIOTO, P.S.N. OLIVEIRA, F. SIQUEIRA, A.N. ROSA, L.O. CAMPOS DA SILVA, R. DE ALMEIDA TORRES, S.R. MEDEIROS, R.R. TULLIO, M.M. ALENCAR, L.C.A. REGITANO

F55 POSTER

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS STRS LIGADOS ÀS REGIÕES CANDIDATAS NOS CROMOSSOMOS 4 E 14 COM CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO EM GADO DE CORTE

SOUZA, S.L.G., QUIRINO, C.R., NUNES, A.S., SOUSA FILHO, G.A., TEIXEIRA, C.S., BAGALDO, A.R., ANDREA, M. V.

F56 POSTER

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS BY APPLYING RANDOM REGRESSION MODELS FOR TEST-DAY IN BUFFALOES AT A FARM IN CORDOBA STATE.

NAUDIN A. HURTADO-LUGO, ROBERTA B.A. RODRIGUES, DIERCLES F. CARDOSO, MAISA DA C. NAKAGAWA, DANIELE A. RODRIGUES, RAUL ASPILCUETA-BORQUIS, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, MÁRIO CERÓN-MUÑOZ, LARISSA ZETOUNI, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE, HUMBERTO TONHATI.

F57 POSTER

PROCEDURES FOR QUALITY CONTROL OF GENOTYPES USED IN GENOMIC EVALUATIONS OF HEREFORD AND BRAFORD CATTLE IN BRAZIL¹

MAURICIO M. OLIVEIRA, ROBERTO H. HIGA, RONYERE O. ARAÚJO, THÁISA S. LACERDA, SAMUEL R. PAIVA, ALEXANDRE R. CAETANO, CLAUDIA C. G. GOMES, FERNANDO F. CARDOSO

F58 POSTER

POLYMORPHISM IN EXON 10 OF THE GROWTH HORMONE RECEPTOR GENE IN NELLORE CATTLE.

DIÉRCLES F. CARDOSO, FÁBIO R. P. SOUZA, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, PATRÍCIA D. S. FONSECA, FERNANDA M. M. GIL, MILENA G. CHIQUITELLI, NAUDIN A. HURTADO-LUGO¹, LÚCIA G. DE ALBUQUERQUE, MARIA EUGÊNIA Z. MERCADANTE, HUMBERTO TONHATI

F59 POSTER

ASOCIACIÓN DE TRES SNPS DEL GEN CAST CON TERNEZA DE LA CARNE DE NOVILLOS BRANGUS

MARIANA MOTTER, GRACIELA MARRUBE, PABLO CORVA, XIMENA DOXANDABARAT, MARÍA MIQUEL, JULIANA PAPALEO MAZZUCO, EDGARDO VILLARREAL, LILIA MELUCCI, CARLOS MEZZADRA, ALEJANDRO SCHOR Y LILIANA SORIA

F60 POSTER

A IMPORTÂNCIA DA INCLUSÃO DE GRUPOS GENÉTICOS NA ESTIMATIVA DE DIFERENÇAS ESPERADAS NAS PROGENIES

GERSON ANTÔNIO DE OLIVEIRA JÚNIOR, LUÍS GUSTAVO FIGUEIREDO, ELISANGELA CHICARONE DE MATTOS, JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ, JOANIR PEREIRA ELER

Memorias de la XXII Reunión ALPA, Montevideo, Uruguay. 24-26 octubre de 2011

F61 POSTER

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN *CAST* Y SU RELACIÓN CON CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE CALIDAD DE CARNE EN PORCINOS

LARISA DELGADO, DANTE CHICARELLI, FERNANDO CARDUZA, GRACIELA MARRUBE, LILIANA SORIA, MARCELA LLOVERAS

F62 POSTER

ESTIMATIVA DE PARÁMETROS GENÉTICOS ATRAVÉS DE ESTIMATIVAS MULTI-CARACTERÍSTICAS PARA CRECIMIENTO DE OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS.

L. G. G. FIGUEIREDO, J. B. S. FERRAZ, J. P. ELER, E. C. MATTOS, P. RIPAMONTE, F. M. REZENDE

F63 POSTER

ACURÁCIA DAS ESTIMATIVAS DOS VALORES GENÉTICOS OBTIDOS COM MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

DANIEL JORDAN DE ABREU SANTOS, MARIA GABRIELA DINIZ PEIXOTO, RUI DA SILVAVERNEQUE, JOÃO CLÁUDIO DO CARMO PANETTO, RUSBEL RAUL ASPILCUETA BORQUIS, GREGÓRIO MIGUEL CAMARGO, HUMBERTO TONHATI

F64 POSTER

ESTIMAÇÃO DO COEFICIENTE MÉDIO DE ENDOGAMIA EM BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS

KARLA PRISCILA DE OLIVEIRA, KELLY PATRICIA DE OLIVEIRA, DANIELLY SOARES BATISTA, PATRICIA THOLON

F65 POSTER

CURVAS DE CRECIMIENTO PARA GENÓTIPOS DE FRANGOS CAIPIRAS

LARISSA K. WINKELSTROTTER, ALDRIN V. PIRES, VIVIAN D. TIMPANI, FLAVIANA M. GONÇALVES, SANDRA R. F. PINHEIRO, JOERLEY MOREIRA, JÉSSICA A. MIRANDA, ROGÉRIO C. VELOSO, EDUARDO D. S. CORDEIRO

F66 POSTER

AValiação de característica de desempenho em diferentes grupos genéticos de frangos caipiras.

ROGÉRIO C. VELOSO, VIVIAN D. TIMPANI, ALDRIN V. PIRES, FLAVIANA M. GONÇALVES, EDUARDO D. S. CORDEIRO, LUCÍLIA M. V. BALLOTIN, GUSTAVO H. DE F. CASTRO, DIEGO COIMBRA, GUSTAVO H. O. MENDES, ROSANE MOREIRA

F67 POSTER

GENOTIPAGEM POR PCR-RFLP PARA SNP NO GENE DA GRELINA EM BÚFALOS LEITEIROS DA RAÇA MURRAH (*Bubalus bubalis*)

FERNANDA M. M. GIL, FÁBIO R. P. DE SOUZA, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, DIÉRCLES F. CARDOSO, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ, NAUDIN HURTADO-LUGO, HUMBERTO TONHATI

F68 POSTER

ESTUDO DO PRIMEIRO INTERVALO ENTRE PARTOS E SUAS RELAÇÕES COM CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA MEDIDAS POR ULTRASSOM EM DUAS DIFERENTES IDADES EM REBANHOS DA RAÇA NELORE

MARCOS J. YOKOO, GUILHERME J. M. ROSA, CLÁUDIO DE U. MAGNABOSCO, RAYSILDO B. LOBO, ROBERTO D. SAINZ, LUCIA G. ALBUQUERQUE

F69 POSTER

CARACTERIZAÇÃO DE POLIMORFISMO NO ÍNTRON 2 DO GENE DA GRELINA EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH (*Bubalus bubalis*) POR GENOTIPAGEM PCR-RFLP

FERNANDA M. M. GIL, FÁBIO R. P. DE SOUZA, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA, DIÉRCLES F. CARDOSO, LARISSA ZETOUNI, CAMILA U. BRAZ, NAUDIN HURTADO-LUGO, HUMBERTO TONHATI

F70 POSTER

EXPRESIÓN EN MUSCULO SEMITENDINOSO DE GENES DEL EJE GH-IGF Y RELACIONADOS CON LA ADIPOGENESIS EN TERNEROS PUROS HEREFORD Y CRUZA-F1 BONSMARxHEREFORD AL AÑO DE VIDA.

PIRELLI, J., ASTESSIANO A. L., LAPORTA, J., ESPASANDIN, A. C., CARRIQUIRY M

F71 POSTER seleccionado como presentacion oral

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN BOVINOS CRIOLLOS URUGUAYOS UTILIZANDO MICROSATÉLITES Y ADN MITOCONDRIAL

EILEEN ARMSTRONG, ANDRÉS IRIARTE, AMPARO MARTÍNEZ, MATÍAS FEJOO, JOSÉ LUIS VEGA-PLA, JUAN VICENTE DELGADO, ALICIA POSTIGLIONI

F72 POSTER

POLIMORFISMO DEL GEN LEPTINA EN VACAS EN EL SISTEMA DOBLE PROPOSITO EN MEXICO

ORTIZ, S.J.A., C. CORTEZ, B. RUÍZ, J. GALLEGOS, J.G. HERRERA

F73 POSTER

PADRONIZAÇÃO DA TÉCNICA DE PCR- RFLP PARA GENOTIPAGEM DE BOVINOS DA RAÇA NELORE (*Bos indicus*) PARA O GENE FSHR

PATRÍCIA D. S. FONSECA, FÁBIO R. P. DE SOUZA, MARIA E. Z. MERCADANTE, LÚCIA G. DE ALBUQUERQUE, FERNANDA M. M. GIL, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO, DIÉRCLES F. CARDOSO, LARISSA ZETOUNI, CAMILA U. BRAZ, NAUDIN HURTADO-LUGO, HUMBERTO TONHATI

F74 POSTER

ENVIRONMENTAL EFFECTS AND VARIANCE COMPONENTS OF BIRTH WEIGHT IN DAIRY GOATS IN BRAZIL

MARCUS VINÍCIOS DA FONSECA¹, DANIEL CARNEIRO DE ABREU², CAREN PALUDO GHEDINI²

F75 POSTER

CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS DE MATRIZES E PROGENES DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE CRIADOS NO PANTANAL – BRASIL

ROSANA MOREIRA DA SILVA, JÚLIO CESAR DE SOUZA, LUIS OTAVIO CAMPOS DA SILVA, FABRÍCIO JOSÉ PARISI DA FONSECA, LUCIANO TADEU PEREIRA FERREIRA, MAURÍCIO VARGAS DA SILVEIRA, JOSE ANTÔNIO FREITAS⁴ E ANDRÉA GONDO

F76 POSTER

CONSANGUINIDAD EN UN RODEO DE CERDOS PAMPA ROCHA EN URUGUAY

WASHINGTON BELL, GABRIEL ROVERE, NELSON BARLOCCO, ANTONIO VADELL, RAQUEL PÉREZ-CLARIGET, JORGE I. URIOSTE

F77 POSTER

INTERACAO GENÓTIPO AMBIENTE PARA IDADE AO PARTO EM FEMEAS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO NORMAS DE REAÇÃO

FABIO FERRARI, FERNANDO BALDI, ARIONE BOLIGON, VANERLEI ROSO, LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE

F78 POSTER

GENOTYPIC AND AMINO ACID COMBINATIONS RESULTING FROM SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IDENTIFIED AT BOVINE IGE

LAURA EMMANUELLI, ILEANA RIVERA, MELVIN PAGAN, ESBAL JIMENEZ, GUILLERMO ORTIZ

F1 POSTER

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE JAVALIS (*Sus scrofa scrofa*), HÍBRIDOS E SUÍNOS POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES (STRS)

PAULA VIANA CORREA DA SILVA, JEFFREY FREDERICO LUI*, ADERBAL CAVALCANTE NETO, LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO, SELMA DE FÁTIMA GROSSI, DAVI NOGUEIRA MACIEL ALVES.

UNESP/FCAV/Jaboticabal SP Brasil, *jeffrey@fcav.unesp.br

A ocorrência de híbridos entre javalis e suínos é comum detectando-se polimorfismo e variando o número de cromossomos de 36 a 38. Objetivou-se utilizar marcadores microsatélites (STRs) desenvolvidos para suínos domésticos para a caracterização genética de javalis puros (*Sus scrofa scrofa*) e seus híbridos. Os animais foram agrupados em 5 grupos genéticos, de acordo com ploidia dos javalis puros e híbridos pelas análises citogenéticas de linfócitos (Moorhead et al. 1960): grupo I, com 59 suínos domésticos e $2n = 38$; grupo II, com 46 javalis puros de origem (PO) e $2n = 36$; grupo III, com 6 híbridos e $2n=36$, provenientes de acasalamentos entre híbridos e retrocruzamentos; grupo IV, com 30 híbridos com suíno doméstico e $2n= 37$ e grupo V, com 10 híbridos de suíno doméstico e $2n=38$, conhecidos popularmente como Javaporcos, devido à similaridade cariotípica e fenotípica com o suíno doméstico. O DNA genômico foi extraído e amplificado por PCR e os fragmentos desses microsatélites - IGF1, ACTG2, TNFB -, os quais foram desenvolvidos para a subespécie *Sus scrofa domestica*. Após as amplificações, os produtos dos microsatélites foram seqüenciados e com os resultados obtidos foi possível comprovar a eficiência da amplificação heteróloga por meio do uso de marcadores microsatélites desenvolvidos para o suíno doméstico (*Sus scrofa scrofa*) e aplicados em javali. Os javalis puros se diferenciam geneticamente dos suínos e dos híbridos, havendo diferenças quanto ao tamanho e frequência de alelos nos três locos de microsatélites. As estimativas de variabilidade apontaram perda de heterozigosidade.

Subir

F2 POSTER

MARKER ASSISTED SELECTION ON A NELLORE BREEDING PROGRAM

F.M. REZENDE¹, J.B.S. FERRAZ¹, J.P. ELER¹, R.C.G. SILVA¹, N. IBÁÑEZ-ESCRICHE²

¹Universidade de Sao Paulo, Cx. Postal 23, 13635-900 Pirassununga, Brazil, ²IRTA, Grupo de Mejora Animal. Av. Alcalde Rovira Roure, 191, 25198 Lleida, Spain; frezende@usp.br

Data of a commercial Nellore beef cattle selection program were used to evaluate MAS implementation on its breeding program by model comparison. The data file consisted of 624 records for hot carcass weight (HCW). A set of 109 SNP markers was analyzed to estimate the genomic breeding value. A total of three models were compared: model 1 included only polygenic effects, model 2 included only markers effects and model 3 included both polygenic and markers effects. Bayesian inference via MCMC methods, performed by TM program, was used to analyze the data. Two different priors, uniform (U) and normal (N) distributions, were adopted for markers effects in models 2 and 3. Two criteria were adopted for model comparison: deviance information criterion (DIC) and 4-fold cross-validation. The posterior means of heritability estimated for HCW from models 1 and 3 were in agreement with the estimates reported in the literature. The model comparison results were not consistent across model comparison criteria. The estimates of DIC indicated the highest credibility of model 2_U, since it presented the lowest DIC value. However, models 2_U and 3_U were the worst evaluated models in terms of predictive ability. There was almost no difference on predictive ability between models 1 and 3_N. Therefore, it was not clear the advantage of including this set of marker effects on this Nellore population genetic evaluation for HCW. Nevertheless, further studies must be conducted to evaluate the impact of these markers information on the reliability of breeding value estimates of non genotyped animals.

Subir

F3 POSTER

IMPACT OF INCORPORATING IGENITY MOLECULAR BREEDING VALUES ON THE ACCURACY OF PREDICTING EXPECTED PROGENY DIFFERENCE IN NELLORE BEEF CATTLE

J.B.S. FERRAZ¹, F.M. REZENDE¹, J.P. ELER¹, E.C.M. OLIVEIRA¹, R.C.G. DA SILVA^{1,2}, X. WU^{2,3}, S. BAUCK²

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Cx.Postal 23, 13650-900 Pirassununga, SP, Brazil jbferraz@usp.br; ²Igenity/Merial Ltd, Duluth, GA 30096, USA; ³Department of Animal Sciences, University of Wisconsin, USA

The objective of this study was to evaluate the impact of introducing molecular breeding value (MBV) on the accuracy of predicting expected progeny differences (EPD) for selection criteria on a Nellore cattle population. The traits were weaning weight (WW), post weaning gain from weaning to 18 months (PWGAIN), scrotum circumference (SC) and muscle score (MUSCLE). (Co)variance components were estimated using a dataset with 97,580 animals in A^{-1} matrix. That dataset was prepared for (co)variance estimation, with good structure in terms of number of animals per category of fixed effects, dams with more than one progeny and two or more sires per contemporary group. The genetic parameters estimated were applied to single and two-trait REML analyses in a large dataset (animals in $A^{-1} = 520,169$), used to predict EPD in the population. MBV were estimated based on a Bayes Cpi model which postulated a portion of genes affecting each trait. BIF accuracy was calculated for all animals in single (considering phenotypes and appropriate models) and two-trait systems. Heritability estimates were: .19 (WW), .82 (MBV_{WW}), with genetic correlation $r_g = .36$; .21 (PWGAIN), .86 (MBV_{PWGAIN}), with $r_g = .50$; .52 (SC), .67 for (MBV_{SC}), with $r_g = .33$ and .20 for (MUSCLE), .70 (MBV_{MUSCLE}) with r_g of .32. The impact of including MBV on the prediction accuracy varied with classes of animals, with the largest enhancement (approximately by 60%) observed in young genotyped bulls.

Subir

F4 POSTER seleccionado como presentacion oral

ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS FOR FOUR ECONOMICAL TRAITS AND THEIR IGENITY MOLECULAR BREEDING VALUES IN NELLORE BEEF CATTLE

J.B.S. FERRAZ¹, F.M. REZENDE¹, J.P. ELER¹, E.C.M. OLIVEIRA¹, L.G.G. FIGUEIREDO¹, R.C.G. DA SILVA^{1,2}, X-L. WU^{2,3}, S. BAUCK², E. GROENEVELD⁴

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Cx.Postal 23, 13650-900 Pirassununga, SP, Brazil jbferraz@usp.br; ²Igenity/Merial Ltd, Duluth, GA 30096, USA; ³Department of Animal Sciences, University of Wisconsin, Madison, WI, USA; ⁴Institute of Farm Animal Genetics, Mariensee, Germany.

The objective of this study was to estimate, in a joint analysis, genetic parameters for selecting criteria and their IGENITY molecular breeding values in a Nellore replacement bull production population. This information will be used in a marker assisted estimation of expected progeny differences. A dataset of 97,581 animals with pedigree information, including 29,421 inbred individuals (average inbreeding = 5.9%) was used in the 8-trait analysis. Traits included phenotypes for weaning weight (WW, N = 60,185), weight gain from weaning to 18 month (PWGAIN, N = 50,269), yearling scrotal circumference (SC, N = 18,303) and muscle score (MUSC, N = 48,700), along with their molecular breeding values (MBV_{WW}, MBV_{PWGAIN}, MBV_{SC}, MBV_{MUSC}, from 2384 genotyped animals). MBVs for the traits were obtained using the BayesCpC procedure (Bayes C pi for feature selection from SNP information and Bayes C for prediction and crossvalidation). Phenotypes were analyzed with appropriate models and MBV had only the mean as fixed effect. The software package VCE (v.6.0.2) was used for the variance estimation. Heritability estimates were .244 for WW, .187 for PWGAIN, .452 for SC, .191 for MUSC, .712 for MBV_{WW}, .577 for MBV_{PWGAIN}, .473 for MBV_{SC}, .557 for MBV_{MUSC}, and .030 for maternal WW. Genetic correlation among these traits and their MBVs were in general positive and moderate, indicating that joint selection would be beneficial.

Subir

F5 POSTER

EFFECT OF GENOTYPE AND HAIR LENGTH ON PHYSIOLOGICAL CONSTANTS, MILK YIELD, AND CALVING INTERVAL IN CROSSBRED TROPICAL COWS

ESQUIVEL-VILLALOBOS, C.^{1,2*}, LANDAETA-HERNÁNDEZ, A.J.², TAYLOR, R.¹, CAMACHO, J.¹,
URDANETA-FERNÁNDEZ, M.², SOTO-BELLOSO, E.², OLSON, T.A.³

¹Universidad EARTH. Costa Rica ²Universidad del Zulia, Facultad Cs Veterinarias, UNIZ. Venezuela ³University of Florida, Dpt Animal Sciences. USA *Corresponding author: claudia.esquivel@fcv.luz.edu.ve

The effect of genotype (G) and hair length (HL) on respiratory frequency (RF), skin temperature (ST), rectal temperature (RT), milk yield (MY), and calving interval (CI) was assessed. The study was conducted during the fresh season (lower temperature-humidity) in northwestern Venezuela. Four groups (N=15/each) of mature, lactating, healthy $\frac{1}{2}$ Senepol+ $\frac{1}{2}$ Red Brahman (SB), $\frac{1}{2}$ Beefmaster+ $\frac{1}{2}$ Red Brahman (BB), $\frac{1}{2}$ Red Holstein+ $\frac{1}{2}$ Red Brahman (RHB), $\frac{3}{4}$ Red Brahman+ $\frac{1}{4}$ Red Holstein (BRH) cows were used. Hair samples were removed from the lateral-neck (LN) and dorsal-lumbar (DL) areas. Recording of RF, ST, and RT was performed at 6:00 ($T^{\circ}=25\pm0.11^{\circ}\text{C}$, $\text{RH}=79.5\pm0.21\%$, $\text{THI}=74$), 12:00 ($T^{\circ}=36\pm0.27^{\circ}\text{C}$, $\text{RH}=43\pm0.63\%$, $\text{THI}=84$), and 18:00 ($T^{\circ}=30\pm0.25^{\circ}\text{C}$, $\text{RH}=66\pm1.11\%$, $\text{THI}=81$). Data were analyzed using ANOVA. Differences ($P<0.05$) in HL were found in both LN and DL among RHB (7.8 ± 0.5 and 9.8 ± 0.5 mm; respectively), BB (6.7 ± 0.5 and 9 ± 0.6 mm; respectively), BRH (4.4 ± 0.2 and 7.2 ± 0.3 mm; respectively), and SB (3.1 ± 0.2 and 4.1 ± 0.3 mm; respectively). At 6:00 and 12:00, the highest ($P<0.05$) RF were found in RHB (33.6 ± 2.3 breaths/min) and BB (62 ± 5 breaths/min), respectively. At 12:00 and 18:00, the highest ($P<0.05$) ST was found in BB ($37\pm0.32^{\circ}\text{C}$ and $33.5\pm0.19^{\circ}\text{C}$; respectively). At 12:00, the highest ($P<0.05$) RT were found in BB ($39.3\pm0.15^{\circ}\text{C}$) and RHB ($38.8\pm0.07^{\circ}\text{C}$). Higher MY (2703 ± 171 kg; $P<0.05$) and longer CI (519 ± 35 d; $P<0.05$) were found in RHB compared to the other genotypes. Independent of G, at 12:00, RT increased ($P<0.05$) 0.11°C with each millimeter increase in HL on LN. In conclusion, physiological constants, MY and CI were influenced by HL and G.

Subir

F6 POSTER

EFFECT OF CROSSING BETWEEN BIRDS OF DIFFERENT GENOTYPES FOR USE IN ALTERNATIVE BROILER SYSTEMS.

C. STEFANELLO, A.P. ROSA, O.B. BRUM, E.R. DIAS.

Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil.
catarinastefanello@gmail.com.

Aimed to evaluate the performance of poultry hybrids to meet demand for genetic material in alternative systems of creation. It was used 648 chicks of both sexes from the crossing between, broilers breeders males and of races Rhodes Island Red, White Plymouth Rock and Barred Plymouth Rock, distributed in six treatments with six replicates and 18 birds in each experimental unit, being the period rating from one to 56 days of age. The characteristics evaluated were: body weight (PC), weight gain (GP), feed intake (CR), and feed conversion (CA). The experimental design was completely randomized design with six treatments with six replicates each. It was carried out analysis of variance, and when significantly to level of 5% probability was applied to the Tukey test. The body weight at 56 days and the weight gain from one to 56 days was significantly lower for hybrids from crossing between of males broilers breeders and females White Plymouth Rock. Such that, does not recommend the creation of hybrid resulting this cross in alternative systems.

Subir

F7 POSTER

EVALUATION OF CROSSES BETWEEN DIFFERENT GENOTYPES OF BIRDS ON THE CARCASS, LEGS (THIGH AND DRUMSTICK) AND BREAST AT 56 DAYS OLD.

C. STEFANELLO, A. P. ROSA, O. B. BRUM, E. R. DIAS, R. UTTPATEL.

Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil.
catarinastefanello@gmail.com.

The aim of this study was to evaluate the carcass of poultry hybrids to meet demand for genetic material in alternative systems of creation. It was used 648 chicks of both sexes from the crossing between, broilers breeders males and of races Rhodes Island Red, White Plymouth Rock and Barred Plymouth Rock, distributed in six treatments with six replicates and 18 birds in each experimental unit, being the period rating from one to 56 days of age. The characteristics evaluated were: carcass weight (PCA), legs (PCS) and chest (PP). The experimental design was completely randomized design with six treatments with six replicates each. It was carried out analysis of variance, and when significantly to level of 5% probability was applied to the Tukey test. The carcass weight and the weight of leg (drumstick and thigh) at 56 days were significantly lower for hybrids derived from crosses between male broiler breeders and White Plymouth Rock females, the breast weight showed no significant differences. Such that, does not recommend the creation of hybrid resulting this cross in alternative systems.

Subir

F8 POSTER

JERARQUIZACIÓN DE BOVINOS SUIZO EUROPEO CON BASE EN EVALUACIÓN GENÉTICA Y CALIFICACIÓN EN JUZGAMIENTO DE GANADO

RODOLFO RAMÍREZ-VALVERDE, RAFAEL NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, ANTONIO DELGADILLO-ZAPATA

Universidad Autónoma Chapingo, Mexico

El objetivo fue determinar el grado de asociación entre la jerarquización de animales basadas en calificaciones de conformación en juzgamiento de ganado (CAL) y en sus diferencias esperadas en la progenie (DEP), para bovinos Suizo Europeo de registro en México. Análisis de correlaciones de rango fueron realizados entre CAL y DEP. Registros de CAL fueron usados para el total de animales ($n=620$), por sexo, año (2003, 2004, 2005, 2006, 2009 y 2010) y categoría (adulto, joven y becerro). Las DEP provinieron de la evaluación genética nacional de 2010 para peso al destete directo, leche, peso al destete materno, peso al año, y circunferencia escrotal. Adicionalmente, se estimaron promedios de las DEP y porcentajes de animales con DEP positivos para los animales utilizados en CAL. Las correlaciones entre las jerarquizaciones (todos los animales) con CAL y aquéllas con DEP para las características utilizadas oscilaron entre 0.29 y 0.38, lo que sugiere una baja asociación entre ambas formas de evaluar animales. La correlación usando animales de CAL adultos fue mayor que la de jóvenes y becerros (0.47 vs 0.25 y 0.34), indicando una asociación de magnitud moderada al considerar animales adultos. Las correlaciones variaron a través de los años de CAL (0.30 a 0.46), lo que pudiera indicar diferencias en habilidades para juzgar animales por los evaluadores. Las asociaciones entre jerarquizaciones de CAL y DEP para machos o hembras fueron similares. Los promedios de las DEP de los animales fueron positivos para todas las características consideradas y los porcentajes de animales con DEP positivas fluctuaron entre 49.0 y 73.5%, lo que indica sólo una tendencia a usar animales genéticamente superiores en las CAL.

Subir

F9 POSTER

GENETIC ASSOCIATION BETWEEN POSTWEANING GAIN, HEIFER PREGNANCY, SCROTAL CIRCUMFERENCE, STAYABILITY AND FINISHING VISUAL SCORE IN NELLORE CATTLE

JOANIR PEREIRA ELER¹, MÁRIO LUIZ SANTANA JR.^{1,2}, JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ¹ AND ELISÂNGELA CHICARONI MATTOS¹

¹Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, C. Postal 23, CEP 13635-970, Pirassununga, SP, Brazil. ²Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Mato Grosso, MT-270, Km 06, CEP 78735-901, Campus Universitário de Rondonópolis, MT, Brazil

The objective of this study was to evaluate the genetic relationship between postweaning gain adjusted to 345 days (PWG), heifer pregnancy (HP), scrotal circumference at 18 months of age (SC), stayability at 6 years (STAY), and finishing visual score at 18 months of age (PREC), and to determine the potential of these traits as selection criteria for the genetic improvement of growth and reproduction in Nellore cattle. HP was defined as the observation that a heifer conceived and remained pregnant, which was assessed by rectal palpation at 60 days. STAY was defined as whether or not a cow calved every year up to the age of 6 years, given that she was provided the opportunity to breed. Bayesian linear-threshold analysis via Gibbs sampler was used to estimate the variance and covariance components applying a multitrait model. The posterior mean estimates of direct heritability were 0.15 ± 0.00 , 0.42 ± 0.02 , 0.49 ± 0.01 , 0.11 ± 0.01 and 0.19 ± 0.00 for PWG, HP, SC, STAY and PREC, respectively. The genetic correlations between traits ranged from 0.17 to 0.62. The traits studied generally present the potential to be used as selection criteria in genetic breeding programs. The genetic correlations between all traits show that selection for one of these traits does not imply the loss of the others.

Subir

F10 POSTER

COMPARACIÓN DE EVALUACIONES GENÉTICAS NACIONALES PARA SEMENTALES BOVINOS SUIZO AMERICANO USADOS EN MÉXICO Y LOS ESTADOS UNIDOS DE AMÉRICA

RAFAEL NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, RODOLFO RAMÍREZ-VALVERDE, ANA PALACIOS-JIMÉNEZ

Universidad Autónoma Chapingo, México

El objetivo fue comparar las habilidades de transmisión predichas (HTP) de sementales Suizo Americano para la evaluación genética nacional en México (producción de leche por lactancia, PL) y las HTP de esos mismos animales con información proveniente de la evaluación genética nacional en los EE. UU. Las HTP para PL de 743 sementales (nacidos entre 1931 y 2006) fueron utilizadas para estimar correlaciones (r_{HTP}), ajustadas por los promedios de las confiabilidades de las HTP en ambos países. Adicionalmente, se estimaron los promedios de las HTP para los sementales evaluados en México (PL) y los EE. UU. (PL, componentes de la leche, características de tipo, vida productiva, conteo de células somáticas e índices). La r_{HTP} de los sementales con evaluaciones genéticas para PL en los dos países fue 0.45, lo que sugiere cambios en la jerarquización de los sementales para ambas evaluaciones, y por tanto interacción genotipo por ambiente (semental por país). El 83.7% de los sementales tuvieron HTP negativas para PL en su país de origen (EE. UU.), además los promedios de las HTP para las demás características evaluadas también fueron negativos. Lo anterior sugiere que los criadores mexicanos no están adquiriendo sementales con base en las HTP de las características evaluadas. El 42.0% de los sementales tuvieron HTP positivas para PL en México y negativas en los EE. UU.; el 41.7 y 10.9% tuvieron predicciones negativas o positivas en ambos países, respectivamente; y el 4.4% tuvieron HTP negativas en México y positivas en los EE. UU. Estos resultados indican que algunos reproductores provenientes del país exportador no deberían usarse en México, si el objetivo de selección es mejorar la PL.

Subir

F11 POSTER

IDENTIFICATION OF A SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM IN THE JY-1 GENE IN NELLORE CATTLE.

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, FERNANDA M. M. GIL¹, DIERCLES F. CARDOSO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, FERNANDO BALDI¹, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, LUCIANA C. DE A. REGITANO², HUMBERTO TONHATI¹

¹São Paulo State University, Jaboticabal-SP, Brazil

²Brazilian Agricultural Research Corporation, São Carlos-SP, Brazil

The JY-1 protein was firstly described in cattle and is an oocyte specific protein that plays a key role in the regulation of the granulose cells functions. It also influences the early embryo development. The aim of this study was to analyze a region of the exon 3 of the JY-1 gene in Nellore cattle in order to investigate possible polymorphisms. DNA was extracted from tail hair of 150 Nellore heifers by the Phenol-Chloroform-Isoamyl Alcohol protocol. The primers 5'ATCAAACCTGAACAGGGCAGA3' and 5'AAGTATGACAAGAGATACGGTCAGG3' were designed to amplify a partial region of exon 3. The fragment amplified by the PCR has 373 bp. After, the SSCP technique was done. It was possible to identify two patterns of migration, one of them has two bands and the other has three bands. One sample of each pattern of migration was sequenced and a SNP was identified at the position 165 of the fragment. The polymorphism is characterized by a substitution of a cytosine (C) by a thymine (T). The pattern with two bands is a homozygote TT and the pattern with three bands is the heterozygote TC. The homozygote CC wasn't observed. The sequences were deposited in Genbank under the accession numbers: JF262042 and JF262043. Future studies of genotyping more samples must be done in order to verify the allelic and genotypic frequencies and also the possible influence of the SNP in reproductive traits.

Subir

F12 POSTER

MONOMORPHISM FOR PARTIAL REGION OF EXON 3 OF JY-1 GENE IN NELLORE HEIFERS.

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, FERNANDA M. M. GIL¹, DIERCLES F. CARDOSO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, FERNANDO BALDI¹, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, LUCIANA C. DE A. REGITANO², HUMBERTO TONHATI¹

¹São Paulo State University, Jaboticabal-SP, Brazil

²Brazilian Agricultural Research Corporation, São Carlos-SP, Brazil

The JY-1 protein is found in monoovulatory species and was firstly described in cattle. It is an oocyte specific protein and it plays a key role in the regulation of the granulosa cells functions. It also influences the early embryo development. Other genes with similar functions were described in polyovulatory animal. The aim of this study was to analyze a region of the exon 3 of the JY-1 gene in Nellore cattle in order to investigate possible polymorphisms. DNA was extracted from tail hair of 150 Nellore heifers by the Phenol-Chloroform-Isoamyl Alcohol protocol. The primers 5'CTTCACAGACCACCCAGGTC3' and 5' TCTGCCCTGTTCAGTTTGAT 3' were designed to amplify a partial region of exon 3. The fragment amplified by the Polymerase Chain Reaction (PCR) has 399 bp. After, the Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) technique was done. It wasn't possible to identify different patterns of migration. The pattern of migration has four bands in all the samples. It characterizes a monomorphism for the region analyzed using this technique. Future studies are necessary in order to investigate polymorphisms in other regions of the gene as well as their possible influence in reproductive traits.

Subir

F13 POSTER

POLIMORFISMO (-1.689) EN EL GEN DE ALFA-LACTOALBÚMINA (A-LA) Y SU RELACIÓN CON LA PRODUCTIVIDAD LECHERA DEL GANADO BLANCO Y NEGRO EN LA REPÚBLICA DE BELARÚS

NORIS ROA¹, MARIYA MIKHAILOVA², NATALIA VOLCHOK², KARIN DRESCHER³, BELAYA EV², KAMYSH NA², NI TIKHANOVICH², MEDVEDEVA YV²

¹Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA-Ceniap). Maracay, Aragua, Venezuela. nroa@inia.gob.ve ²Instituto de Genética y Citología. Academia Nacional de Ciencias. Minsk, República de Belarús.

³Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela. Maracay, Aragua, Venezuela.

Polimorphism (-1689) of α -LA gene was studied, analysis of genetic structure in black and white cattle populations in Belarus Republic, for the given α -LA locus was made and frequencies of the valuable allelic variant A were determined. Allelic variant AA, AB and BB were identified. Animals identified like AA showed the highest milk production levels without differences on fat or protein milk content. The genetic structure of cattle populations in Minsk (Belarús), showed for α -LA a predominant distribution to A allelic. The particular frequency to the allelics A and B was of 0.68 and 0.32 in average and respectively, which is coincident with other genotypes selected towards milk production. Polimorphism (-1689) of α -LA gene in cattle it is useful to select for increase milk yield.

Subir

F14 POSTER

CRUZAMIENTOS EN BOVINOS PARA CARNE EN LA REGIÓN PAMPEANA ARGENTINA

MELUCCI, L.M.; URIBE, M.J. MORONTA, M. Y COLATTO, E.

Unidad Integrada Balcarce (UIB) (Fac. Cs. Agrarias UNMDP – EEA INTA Balcarce).

Se evaluaron diferencias en efectos directos ($g_A^l - g_H^l$) y maternos ($g_A^m - g_H^m$) entre Angus (A) y Hereford (H), efectos de heterosis individual (h_{AH}^l) y materna (h_{AH}^m) y pérdidas por recombinaciones epistáticas individuales (r_{AH}^l) para peso nacimiento (PN), ganancia de peso hasta destete (GP) y peso al destete (PD) de 2875 terneros nacidos entre 2000 y 2010 en el rodeo experimental del INTA Balcarce. Se evaluó además la productividad (P) al destete (kg ternero / peso metabólico madre ($kg^{0.75}$)) para diferentes sistemas. La $g_A^l - g_H^l$ favoreció al A: $-3,47 \pm 0,54$ kg; $-0,027 \pm 0,010$ kg/d y $-8,44 \pm 1,99$ kg ($P < 0,05$) para PN, GD y PD, respectivamente. La $g_A^m - g_H^m$ favoreció al A en GP y PD: $0,057 \pm 0,009$ kg/d y $10,17 \pm 1,76$ kg ($P < 0,05$), respectivamente. La h_{AH}^l fue $0,78 \pm 0,27$ kg para PN, $0,033 \pm 0,005$ kg/d para GP y $6,65 \pm 0,99$ kg para PD ($P < 0,05$). La h_{AH}^m resultó $0,055 \pm 0,012$ kg/d y $9,67 \pm 2,32$ kg para PD ($P < 0,05$). Las r_{AH}^l sólo fueron significativas ($P < 0,05$) para PN ($4,18 \pm 1,16$ kg). Las madres A criando terneros HA tuvieron 8,5% mayor P respecto a criar terneros puros ($P < 0,05$). Las madres H y F1 AH no mostraron diferencias entre los diferentes tipos de progenie ($P > 0,05$). Las madres HA en cruzamiento con Limousin fueron 5,65 y 8,09% superiores a la retrocruza hacia H o A, respectivamente ($P < 0,05$) pero no difirieron de las apareadas con toros HA ($P > 0,05$). A pesar de la heterosis materna el apareamiento L(HA) sólo fue 1% superior en P respecto al HA como resultado del menor tamaño de las madres A.

Subir

F15 POSTER seleccionado como presentación oral

AVANCES EN LA EVALUACIÓN DE CRUZAMIENTOS ROTATIVOS CON DOS RAZAS BOVINAS EN SISTEMAS AGROFORESTALES EN LA ORINOQUÍA COLOMBIANA

ARIOSTO ARDILA Y LILIANA CHACÓN

Universidad de La Salle, A.A 28638, Bogotá, D.C., Colombia

El objetivo de este estudio es la evaluación de cruzamientos rotativos con dos razas, entre Brahman x Senepol, Brahman x Limousine y Brahman x Braunvieh, para características de crecimiento, composición corporal y calidad de carne, en sistemas agroforestales, con amamantamiento restringido, destete precoz y, mediante inseminación artificial a término fijo (IATF), que se adapten a las condiciones de la región. El trabajo se inició con la selección de núcleos de novillas F1 Brahman x Limousine, Brahman x Braunvieh y Brahman puras. Nosotros encontramos diferencias significativas en los porcentajes de preñez aplicando un protocolo de IATF, presentando mayor valor el cruzamiento de (Brahman x Limousine) ♀ x Limousine ♂, seguido del cruzamiento (Brahman x Braunvieh) ♀ x Braunvieh ♂. Relacionado con características de longitud corporal (LC), perímetro torácico (PT) y altura al sacro (AS), no encontramos diferencias significativas en los tres cruzamientos al nacimiento, pero si fueron halladas al realizar el destete precoz (tres meses). Realizando análisis de varianza y medias comparadas por contrastes entre los tres cruzamientos, encontramos diferencias significativas entre los pesos al nacimiento, pero estas no fueron halladas en el peso al destete. Con este programa pretendemos lograr cambios en la forma y métodos de producción ganadera amigables con el medio ambiente; mejorar los parámetros zootécnicos, como edad al sacrificio, y la mejora de la calidad de la carne con mayor grado de terneza, atributo fundamental para la participación en los mercados internacionales. Igualmente, el establecimiento de los sistemas agroforestales donde se desarrolla el proyecto, ha incrementado la cobertura de árboles, principalmente por medio de la arborización de las pasturas, cercas vivas y bancos mixtos forrajeros.

Subir

F16 POSTER

MEDIDAS MORFOMÉTRICAS DE BÚFALAS MURRAH DO RECÔNCAVO BAIANO, BRASIL

KALIANE NASCIMENTO DE OLIVEIRA¹, MARIA VANDERLY ANDRÉA¹, ROGÉRIO SANTOS CERQUEIRA¹, CLODOALDO M. MACEDO JUNIOR¹, CINTIA RIGHETTI MARCONDES², RAFAEL AUGUSTO CRUZ SALES¹, DANIELE RIBEIRO DOS SANTOS¹, JEANE LUCARDIA DOS SANTOS DANTAS¹

¹Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas – UFRB, Cruz das Almas-BA, Brasil. ²Embrapa Pecuária Sudeste, Rod. Washington Luiz km 234, São Carlos-SP, Brasil.

Medidas morfométricas, as quais constituem características lineares associadas à produção de leite, são escassas em búfalos. O experimento foi delineado para realizar mensurações no corpo de búfalas Murrah, descrevê-las e estudar suas correlações com o objetivo de ampliar a base de informações no programa de melhoramento. As búfalas nasceram entre 1995 e 2008 no Recôncavo Baiano, Bahia, Brasil, totalizando 272 animais mensurados no ano de 2011. As medidas consideradas foram: estatura (EST), profundidade corporal (PROF_CORP), profundidade substernal (PROF_SUB), distância entre ilíacos (ILIO), distância entre ísquios (ISQ), largura da garupa (LAR_GAR), declividade da garupa (DECL), comprimento corporal (COMP_CORP), perímetro torácico (PT), comprimento da garupa (COMP_GAR) e largura coxo-femural (COX), além da produção de leite (N=42), em kg. As médias \pm desvio-padrão foram respectivamente iguais a $138 \pm 3,8$ cm; $76 \pm 3,8$ cm; $61 \pm 2,8$ cm; $63 \pm 4,1$ cm; $35 \pm 2,7$ cm; $49 \pm 2,9$ cm; $12 \pm 3,0$ cm; $141 \pm 8,2$ cm; $213 \pm 11,7$ cm; $47 \pm 4,2$ cm; $51 \pm 4,0$ cm e $7,800 \pm 3,370$ kg. A produção de leite apresentou correlação positiva e mediana (por volta de 0,30) com EST e PROF_CORP. As búfalas mais altas e com maior profundidade corporal foram aquelas de maior produção leiteira. As correlações não significativas ($P > 0,05$) observadas entre as medidas morfométricas foram: ISQ e PROF_SUB (-0,07); EST e DECL (0,11); PROF_SUB e LAR_GAR (0,07). Todas as demais foram significativas e variaram de -0,45 (DECL e COMP_GAR) a 0,91 (ILIO e LAR_GAR). As búfalas com maiores ISQ também apresentavam maiores LAR_GAR (correlação de spearman igual a 0,89) e aquelas com maior PROF_CORP apresentavam maior PT (correlação de spearman igual a 0,86). Búfalas mais compridas, em geral, também apresentavam maior PT (correlação de spearman igual a 0,76).

Subir

F17 POSTER

MATURIDADE SEXUAL DE NOVILHAS ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS.

JOSÉ CARLOS FERRUGEM MORAES

Embrapa Pecuária Sul, Brasil

A heterose viabiliza maior produção de carne bovina em sistemas extensivos. Nos produtos de cruzamentos é importante verificar se há diferença na maturidade sexual das novilhas, uma vez que a primeira ovulação deve ocorrer entre os 7-10 meses de idade, porém os ciclos não continuam pela subsequente carência alimentar hibernar. O objetivo foi investigar a maturidade sexual de novilhas derivadas de cruzamentos entre as raças Angus, Hereford, Caracu e Nelore aos 15-19 meses de idade. Foram avaliadas 208 fêmeas através de um desafio com 250 mg acetato de medroxi-progesterona em pessários durante sete dias. Previamente ao tratamento as novilhas foram avaliadas ginecologicamente quanto a sua condição reprodutiva, sendo classificadas em: Anestro, ovários pequenos e lisos, útero sem tônus; Intermediárias, ovários com folículos palpáveis e/ou útero contrátil; e, Ciclando, com a presença de um corpo lúteo. Nos cinco dias subsequentes à remoção dos pessários os estros foram monitorados com “tail painting” e sete dias após efetuada nova avaliação ginecológica, gerando uma nova variável relativa a condição reprodutiva após o desafio. O peso e a idade das novilhas no momento da primeira avaliação foram diferentes ($P < 0,05$) entre os quatro anos e oito grupamentos raciais investigados. Regressões logísticas nominais indicaram que a classificação ginecológica antes do desafio identificou grupos raciais com níveis de maturidade sexual distinta, sendo a frequência de manifestação de estros após o gestágeno semelhante entre anos e raças. Nas condições do experimento a indução com o gestágeno não identificou maturidade sexual diferencial nas novilhas, entretanto a primeira avaliação ginecológica destacou desempenho superior das fêmeas Angus + Hereford, Angus + Nelore e Angus; contrastando com o desempenho inferior já esperado das novilhas puras Nelore no Sul do Brasil.

Subir

F18 POSTER

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE LAS PEZUÑAS Y LOS DEDOS EN VACAS DE LA RAZA CARORA

MARIO RIERA-NIEVES¹, VICENTE VILA-VALS¹, LUIS NIEVES-CRESPO¹, MARIA L. PÉREZ-AREVALO¹, JOSE IVAN GAVIDIA-TERÁN¹, GLADIS HIDALGO¹

¹Unidad de Investigación en Ciencias Morfológicas (UNICIM). Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad del Zulia, Maracaibo, Venezuela. E-mail rierama@gmail.com

Las características morfológicas de las pezuñas y los dedos fueron estudiadas 2116 pezuñas en 529 vacas de la raza Carora. Cinco características fueron evaluadas: uniformidad de pezuña (UP), ángulo de pezuña (AP), largo de la pezuña (LP), miembros posteriores vistos de lado (MPVL) y miembros posteriores vistos de atrás (MPVA). El método estadístico fue de tipo descriptivo y de distribución de frecuencia, para lo cual se utilizó procedimiento FREQ para el cálculo de frecuencia del SAS. Dando como resultado, que el 94,18% de las pezuñas tanto externas como internas, tengan formas casi similares en todos los miembros. El 77,83% de las pezuñas se presentan de tamaño normal. El 80,62% de las pezuñas tenían un ángulo de pezuña entre 45° y 50° que se considera normal. El 58,22% de los animales tenían un ángulo de corvejón normal. El 90,73% de las vacas presentan los corvejones en posición intermedia o normal. Como conclusión general podemos decir, que las características de conformación de las pezuñas y los dedos en vacas de la raza Carora son buenas, ya que todas presentaron altos porcentajes frecuencia en los aspectos morfológicos deseables de las pezuñas y que con un buen sistema de manejo y alimentación se debe esperar baja presentación de enfermedades podales.

Subir

F19 POSTER

PARTIAL CHARACTERIZATION OF EXON 3 OF JY-1 GENE IN *Bos taurus indicus*

HUMBERTO TONHATI¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, FERNANDA M. M. GIL¹, DIERCLES F. CARDOSO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, FERNANDO BALDI¹, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, LUCIANA C. DE A. REGITANO²

¹São Paulo State University, Jaboticabal-SP, Brazil

²Brazilian Agricultural Research Corporation, São Carlos-SP, Brazil

The JY-1 is a protein present in monoovulatory species as cattle. It is an oocyte specific protein and it plays a key role in the regulation of the granulose cells functions. It also influences the early embryo development. The aim of this study was to characterize a region of the exon 3 of the JY-1 gene in Nellore cattle and investigate possible polymorphisms. DNA was extracted from tail hair of 20 unrelated Nellore heifers by the Phenol-Chloroform-Isoamyl Alcohol protocol. The primers 5'CCTGACCGTATCTCTTGTGCATACTT3' and 5'CACAGTGCTAATGAACTCTTCCA3' were designed to amplify a partial region of exon 3. The region amplified goes from the nucleotide 730 to the nucleotide 1355 of exon 3. It is a non-coding region. The fragment amplified by the Polymerase Chain Reaction (PCR) has 627 bp. After the PCR reactions, the samples were sequenced and analyzed by the CodonCode Aligner program. It was possible to identify four Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) and one nucleotide deletion. The positions of the SNPs (in the fragment amplified) and the substitutions are: 198T/A, 238G/A, 456T/C and 521G/A. The gap is located in the position 312 and corresponds to a deletion of a T. Moreover, the sequence obtained for *Bos taurus indicus* is different in one position compared with the sequence for *Bos taurus taurus*. In the position 476, the zebu cattle has a T and the european cattle has a G. The sequence of 627 bp of partial JY-1 gene was submitted to NCBI GenBank with accession number JN123736. Future studies of genotyping more samples must be done in order to verify the allelic and genotypic frequencies and also the possible influence of the SNP in reproductive traits.

Subir

F20 POSTER

CHARACTERIZATION OF EXON 1 OF JY-1 GENE IN *Bos taurus indicus*.

GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, FERNANDA M. M. GIL¹, DIERCLES F. CARDOSO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, FERNANDO BALDI¹, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, LUCIANA C. DE A. REGITANO², HUMBERTO TONHATI¹

¹São Paulo State University, Jaboticabal-SP, Brazil

²Brazilian Agricultural Research Corporation, São Carlos-SP, Brazil

The JY-1 is a protein that acts in the oocyte of cattle. It plays a key role in the regulation of the granulosa cells functions. It also influences the early embryo development. The aim of this study was to characterize the region of the exon 1 of the JY-1 gene in Nelore cattle and investigate possible polymorphisms. DNA was extracted from tail hair of 20 unrelated Nelore heifers by the Phenol-Chloroform-Isoamyl Alcohol protocol. The primers 5'TTGAGAAACAGCAGGGTGTG3' and 5'GGAATGGTGGCCAGAGACTA3' were designed to amplify the region of exon 1 and partial region of intron 1. The first exon of JY-1 is a non-coding exon and has 25 bp. The fragment amplified by the PCR has 642 bp. After the PCR reactions, the samples were sequenced and analyzed by the CodonCode Aligner program. It was possible to identify five Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs). The positions of the SNPs (in the fragment amplified) and the substitutions are: 109A/G, 125T/G, 171T/C, 216A/G and 417A/C. The three first SNPs are located in a region before the exon 1, the fourth in exon 1 and the fifth in intron 1. Moreover, the sequence obtained for *Bos taurus indicus* is different in two other positions compared with the sequence for *Bos taurus taurus*. In the position 315, the zebu cattle has a C and the european cattle has a T and in the position 613, the zebu cattle has a G and the european cattle has a C. The sequence of 642 bp of partial JY-1 gene was submitted to NCBI GenBank with accession number JN123735. Future studies of genotyping more samples must be done in order to verify the allelic and genotypic frequencies and also the possible influence of the SNP in reproductive traits.

Subir

F21 POSTER

DAIRY GOAT GENETIC EVALUATION FOR MILK TRAITS USING A SELECTION INDEX

VALENCIA-POSADAS, M.¹, TORRES-VÁZQUEZ, J.A.², MONTALDO, H.³

¹División de Ciencias de la Vida, Universidad de Guanajuato. ExHda. El Copal, Irapuato, Guanajuato, México, CP 36500. ²Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal, INIFAP-SAGARPA, Ajuchitlán, Querétaro 76280, México. ³Departamento de Genética y Bioestadística, FMVZ-UNAM, Ciudad Universitaria, D.F. 04510, México.

In order to estimate genetic parameters for milk yield (PL), fat yield (PG) and protein yield (PP), to obtain the predicted transmitting abilities (HTP) for the same traits and to implement a selection index, were analyzed data from fourteen dairy goat flocks located in central Mexico. BLUP methodology was used to estimate the HTP with a trivariate repeatability animal model across breed, using 7154 lactations of 4307 goats, daughters from 279 sires. Genetic parameters were estimated by REML methodology. Different indices were compared changing the relative weights for the three traits to identify highest genetic responses per generation and per year. Averages for PL, PG and PP, corrected to mature equivalent and 305 days were 1065±315 kg, 35.2±10.8 kg and 30.2±8.5 kg, respectively. Heritabilities for PL, PG, PP were 0.29±0.06, 0.32±0.02 and 0.32±0.05. Repeatabilities for the same traits in the same order were 0.41±0.02, 0.37±0.02 and 0.39±0.02, respectively. All genetic and phenotypic correlations among traits were positive and ≥ 0.79 . The HTP for PL, PG and PP were lower in dams than in sires and HTP averages were positive for sires except for PG. Reliabilities for PL, PG and PP were low. The final relative weights used in the index for the three traits were PL:0 PG:0.3 PP: 1. Improving the reliability for the HTP and making efficient selection on animals, it is possible to obtain positive response rates in the medium term for all traits in this population of goats.

Subir

F22 POSTER

POLIMORFISMO DEL GEN PROLACTINA Y SU RELACIÓN CON PRODUCCIÓN DE LECHE EN GANADO SUIZO AMERICANO

EDY ALFONSO¹, JOSÉ G. HERRERA¹; REYNA ROJAS¹, MARÍA E. ORTEGA¹, CLEMENTE LEMUS² Y CÉSAR CORTEZ¹

¹Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, México. ²FMVZ, U.A.N., Nayarit, México

El objetivo del estudio fue determinar el polimorfismo del gen prolactina y su relación con producción de leche en hatos de cría Suizo Americano en Chiapas, México. Se obtuvieron muestras de sangre de 417 reproductores y mediante PCR-RFLP se determinó dicho gen. Para la amplificación del fragmento del gen se utilizaron primers específicos, obteniendo un fragmento de 156 bp y la digestión con endonucleasa *RsaI* se identificaron los genotipos: AA, AB y BB. Usando el programa *POPGENE* se calcularon las frecuencias genotípicas y alélicas y se relacionaron los polimorfismos del gen prolactina con la producción de leche (305d, 2x, EM) de seis granjas lecheras de Chiapas. Los resultados mostraron frecuencias alélicas: A=0.88 y B=0.12 y genotípicas: AA= 0.77, AB=0.17 y BB=0.03. El genotipo favorable para producción de leche fue el AA con un promedio de 3251.57 kg L⁻¹, siendo mayor ($P<0.05$) que los genotipos AB y BB. Las frecuencias genotípicas de AA fueron similares a las obtenidos, en otras razas, por diversos investigadores, quienes reportan frecuencias que oscilan entre 0.47 y 0.96; sin embargo, otros estudios mencionan frecuencias altas del genotipo AB (0.43 a 0.65). Existe controversia con el tipo de polimorfismo asociado con mayor producción de leche, ya que la mayoría de los estudios reportan como favorable al genotipo AA, pero algunos mencionan a los genotipos AB y BB, diferencias probablemente atribuidas al tamaño de muestra y a las razas estudiadas. Se concluye que la frecuencia del gen prolactina, asociado con el alelo A, en la región de estudio, puede ser usado en programas de selección asistida por marcadores.

Subir

F23 POSTER

SINGLE-NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IN THE GH RECEPTOR GENE AND THEIR EFFECTS ON GROWTH, FEED EFFICIENCY AND CARCASS TRAITS IN NELLORE (*Bos indicus*) CATTLE

R. C. GOMES¹, M. E. CARVALHO¹, M. H. A. SANTANA¹, F.M. REZENDE¹, L.F.B. PINTO², S. L. SILVA¹, P. R. LEME¹, P. ROSSI JR.³, J. B. S. FERRAZ¹.

¹Universidade de São Paulo (FZEA/USP), Pirassununga, SP, Brazil; ²Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA, Brazil; ³ Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brazil.

Growth hormone (GH) promotes muscle growth by interacting with GH receptors (GHR) in targeted tissues. Thus, the aim was to examine associations of single-nucleotide polymorphisms (SNP) in the GHR gene with carcass traits, growth and feed efficiency in beef cattle. Nellore steers and bulls (n=290; 378±42 kg BW, 23-mo±42d old) were feedlot fed in feeding trials for 56 to 70 days. Daily feed intake and weight gain were recorded and carcass traits were assessed by ultrasound. Feed efficiency traits, including residual feed intake (RFI), were computed. Cattle were genotyped, using TaqMan Real Time PCR assays, for GHR-1 (A/G, AF126288-149) and GHR-2 (A/G, AY643807-300) in the promoter region and intron 4 of GHR gene, respectively. For association analyses, contemporary group, sex (fixed effects), age (covariate) and sire (random effect) were included in a linear mixed model. Minor allele frequencies for GHR-1 and GHR-2 were 0.03 and 0.20 (A allele), respectively. Genotypic frequencies were 0.00, 0.05 and 0.95 and 0.02, 0.36 and 0.62 for AA, AG and GG of GHR-1 and GHR-2, respectively. Allelic substitution effects were seen for GHR-1 on rump fat thickness (-1.37 mm, SE=0.488, P=0.0054) and rib eye area (3.381 cm², SE=2.04, P=0.0988) and for GHR-2 on RFI (0.152 kg/d, SE=0.084, P=0.0719). No effects were observed on others productive traits. Polymorphisms in GH receptor gene can affect feed efficiency and carcass traits in Nellore cattle.

Subir

F24 POSTER

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS NELORE PARA PESOS ATÉ A DESMAMA SOB DIFERENTES MODELOS.

LILLIAN PASCOA¹, ARACADIO DE LOS REYES², MAURICIO ELZO³,
INSTITUTO FEDERAL DE BRASÍLIA,

DF, Brazil¹, Universidade Federal de Goiás, GO, Brazil², Universidade da Florida,
Gainesville, FL, USA³.

Com o objetivo de comparar predições de valores genéticos e acurácias para pesos padronizados e reais aos 120 e 210 dias de idade, analisaram-se dados de 72.731 bezerros(as) Nelore, nascidos de 1985 a 2005 em 40 rebanhos integrantes do *PMGRN*. Foram comparados quatro modelos incluindo diferentes estruturas de grupos contemporâneos (*GC*) considerados como fixo ou aleatório: GC_1 : GC_b – semestre de nascimento; GC_2 : GC_b – trimestre de nascimento; GC_3 : GC_1 – SB; GC_4 : GC_2 – SB, em que, GC_b : rebanho – ano de nascimento – grupos de manejo até cada idade. Os modelos foram: M_1 : $Peso = \alpha + GC_1 + SB + CIVP + \varepsilon$; M_2 : $Peso = \alpha + GC_2 + SB + CIVP + \varepsilon$; M_3 : $Peso = \alpha + GC_3 + CIVP + \varepsilon$; M_4 : $Peso = \alpha + GC_4 + CIVP + \varepsilon$; em que, α = constante; SB = sexo do bezerro; CIVP = classe de idade da vaca ao parto, ε = efeito residual aleatório. Para cada modelo os animais foram classificados por seus valores genéticos (VG), subdivididos em categorias (touro, vaca e animais sem progênie). Para ambos os pesos, reais e padronizados, os VG foram semelhantes entre os modelos com grupo contemporâneo fixo ou aleatório, incluindo ou não sexo em sua composição. As magnitudes dos valores de acurácia entre os modelos foram similares dentro de categoria, sendo que touros apresentaram predições de VG mais acuradas e vacas menos. Para touros, a classificação dos indivíduos por pesos reais em modelos com GC aleatório ao invés de fixo foram mais adequadas.

Subir

F25 POSTER

TENDÊNCIAS E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS DA IDADE AO PRIMEIRO PARTO E DOS INTERVALOS DE PARTOS EM BÚFALAS MURRAH DA BAHIA, BRASIL

CINTIA RIGHETTI MARCONDES¹, JEANE LUCARDIA DOS SANTOS DANTAS², KALIANE NASCIMENTO DE OLIVEIRA², DANIELE RIBEIRO DOS SANTOS², RAFAEL AUGUSTO CRUZ SALES², DAIANE LAGO NOVAIS², PHILIPPE BRITO DE OLIVEIRA², JUSALINE FERNANDES VIEIRA², MARIA VANDERLY ANDRÉA²

¹Embrapa Pecuária Sudeste, Rod. Washington Luiz km 234, São Carlos-SP, Brasil.

²Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas – UFRB, Cruz das Almas-BA, Brasil.

Objetivou-se determinar as tendências fenotípicas da Idade ao Primeiro Parto (IPP), do Intervalo de Parto médio (IEPM), do Intervalo de Parto ponderado (IEPP) e do Peso médio ao nascer dos bezerros (PNP), bem como as correlações fenotípicas entre diferentes IEP, IPP, IEPM e PNP, em um rebanho de búfalas Murrah do Recôncavo Baiano, Brasil. Registros de partos de 478 búfalas foram armazenados em planilha Excel. Registros de búfalas nascidas entre 1985 e 1992 foram desconsiderados nas análises para que pelo menos quatro búfalas contemporâneas fossem utilizadas nas médias anuais. Foram calculadas as características IPP, IEP (de 1 a 10), o IEPM, o IEPP ponderado pelo número de partos da búfala e o PNP. As estatísticas descritivas, correlações fenotípicas (Pearson e Spearman) e regressões do IEPP, IEPM, IPP e do PNP sobre o ano de nascimento da búfala (o qual variou de 1993 a 2005), foram realizadas pelo SAS. A IPP média foi igual a 1198 ± 187 dias, o IEPM igual a 479 ± 109 dias e o PNP igual a $37,5 \pm 1,7$ kg. As correlações fenotípicas significativas ($P < 0,05$) entre os IEP (de 1 a 10) variaram de -0,27 (entre IEP1 e IEP6) a 0,31 (entre IEP3 e IEP5), enquanto que as correlações entre classificações variaram de -0,38 (entre IEP1 e IEP6) e 0,25 (entre IEP2 e IEP4). IPP foi negativamente correlacionada com IEP1, IEP4, IEPM e PNP. As tendências fenotípicas foram positivas para IEPP e IEPM, com aumento anual de 37,6 dias e 10,5 dias, respectivamente, e R-quadráticos iguais a 0,27 e 0,06. A tendência fenotípica para PNP mostrou-se negativa, com redução de 0,231kg por ano (R-quadrático igual a 0,14). Os valores encontrados de IEP, PN e IPP no rebanho baiano encontram-se próximos àqueles relatados na literatura para búfalas do eixo Norte-Nordeste brasileiro.

Subir

F26 POSTER

INFLUÊNCIA DA LINHAGEM SOBRE CARACTERES PRODUTIVOS DA RAÇA CANCHIM

CINTIA RIGHETTI MARCONDES¹, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR¹, PEDRO FRANKLIN BARBOSA²

¹Embrapa Pecuária Sudeste, Rod. Washington Luiz km 234, São Carlos-SP, Brasil.

²Pesquisador aposentado da Embrapa Pecuária Sudeste

Para estudar a influência da linhagem sobre o desenvolvimento ponderal e perímetro escrotal de animais Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste (São Carlos-SP, Brasil), foram consideradas: Linhagem antiga (AA), formada a partir de 1940 pelo cruzamento alternado de animais Charolês e zebu (62,5% Charolês e 37,5% zebu); e Linhagem nova (NN), formada a partir de 1988 pelo cruzamento de touros AA e vacas Nelore, para produzir animais do grupo A, de touros Charolês com vacas A, para produzir animais do grupo MA e de touros e vacas MA para produzir animais Canchim. Analisaram-se, por meio do método dos quadrados mínimos, 2231 animais do cruzamento em dialelo entre as duas linhagens, nascidos entre 2001 e 2010. As características consideradas foram: pesos ao nascer (PN), pesos padronizados à desmama (PD), ao ano (P12), ao sobreano (P18), ganhos de peso diário do nascimento à desmama (GND), da desmama ao ano (GDA), do ano ao sobreano (GAS) e perímetro escrotal à desmama (PED), ao ano (PE12) e ao sobreano (PE18). O modelo estatístico considerou os efeitos fixos de ano e mês de nascimento, sexo (exceto para PE), linhagem do touro (LT), linhagem da vaca (LV), interação LT x LV e como covariáveis a idade da vaca ao parto e a idade à mensuração (para PE). Foram realizadas comparações de médias (Tukey e t-Student). Os modelos foram significativos para todas as características ($P < 0,0001$), com coeficientes de determinação entre 0,12 (PN) e 0,46 (GAS). A LT não foi significativa ($P > 0,05$) sobre PN e GDA. A LV foi significativa ($P < 0,01$) sobre PD, P12, GND e GAS. De maneira geral, filhos de touros NN foram superiores ($P < 0,001$) aos filhos de AA, para PD, P12, P18, GND e perímetros. Os filhos de vacas NN foram superiores ($P < 0,001$) aos de AA, para PD, P12 e GND. A interação LT x LV foi significativa ($P < 0,05$) sobre PN, PD, GND e GDA. Houve efeito de heterose somente sobre GDA. Animais NN x NN foram superiores ($P < 0,05$) quanto ao PN, PD e GND. Há indícios, portanto, de influência considerável da linhagem sobre os caracteres produtivos do rebanho Canchim, especialmente até um ano de idade.

Subir

F27 POSTER

ESTUDO DA COMPOSIÇÃO GENÉTICA DE REBANHO-NÚCLEO DA RAÇA CANCHIM POR MEIO DE ANÁLISE DE PEDIGREE: RESULTADOS PRELIMINARES

CINTIA RIGHETTI MARCONDES¹, PEDRO ALEJANDRO VOZZI², MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR¹

¹Embrapa Pecuária Sudeste, Rod. Washington Luiz km 234, São Carlos-SP, Brasil.

²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Chubut, Argentina.

A raça Canchim é constituída por animais 5/8 Charolês e 3/8 Zebu, sendo utilizada em sistemas de produção de carne na região Centro-Sul do Brasil. Os objetivos do estudo foram: obter contribuições genéticas marginais por meio de análise de pedigree para 13617 animais nascidos entre 1949 e 2010 na fazenda de origem da raça, verificar se as raças formadoras ainda contribuem de maneira significativa para a constituição genética atual do rebanho, bem como avaliar o fluxo gênico ao longo de cinco períodos importantes (1949-1953; 1954-1971; 1972-1990; 1991-2000 e 2001-2010). O tamanho da população-referência variou de 52 a 1939 animais entre os períodos. O Número Efetivo de Ancestrais (Na) variou de 16,2 (P1) a 77,8 animais (P4). O número de ancestrais que explicou por volta de 50% da contribuição marginal variou de 5 (P1) a 27 (P2). Somente nos dois primeiros períodos foram observadas contribuições marginais importantes de fêmeas (acima de 2% de contribuição marginal individual), todas zebuínas e utilizadas na formação inicial da raça Canchim. Até 1990 foram observadas contribuições importantes dos machos Charolês utilizados na formação da raça e, após este período, a contribuição importante dos touros Charolês deu-se por meio de sêmen de diferentes origens, justificada pela adoção de novo esquema de cruzamento para formação de animais Canchim, a partir de 1988. Os grupos raciais de maior contribuição no rebanho atual (P5), em ordem decrescente, são: Charolês – sêmen (29,8%), ½ Canchim x ½ Nelore (25,5%) e Canchim (23,1%), evidenciando o processo contínuo de formação de animais que ocorre na fazenda. Estudos relativos à variabilidade genética são importantes para as decisões de acasalamento, controle da endogamia e identificação de linhagens com aptidões específicas. Embora os parâmetros populacionais tenham melhorado ao longo dos períodos estudados, políticas de monitoramento são necessárias para garantir a sustentabilidade do programa de melhoramento da raça Canchim.

Subir

F28 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS A LAS CÉLULAS SATÉLITE PRESENTES EN EL TEJIDO MUSCULAR DE TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V., MACHADO, P., ESPASANDÍN, A.C., PEREYRA, F., CARRIQUIRY, M.

Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo Uruguay

Con el objetivo de evaluar el efecto del genotipo materno y la nutrición durante la fase fetal y lactancia sobre la expresión en el músculo *Semitendinoso* de genes candidatos para actividad de células satélite en terneros durante el primer año de vida, se utilizaron 40 terneros (machos y hembras; n=10/tratamiento), en un diseño de bloques al azar. Durante la gestación y lactancia, las madres (puras-PU Angus/Hereford; y cruza F1-CR) pastorearon alta o baja oferta de forraje campo nativo (10 vs. 6 kg MS/100kgPV/d en promedio, AOF vs BOF, respectivamente). En las primeras 72 h de vida, a los 142 (destete) y 365±15 días de vida, se tomaron muestras de músculo *Semitendinoso*, y se cuantificó la expresión relativa de ARNm de PAX3 y PAX7, factores involucrados en el desarrollo de la miogénesis, por SYBR-Green PCR en tiempo real. Las medias de un análisis de medidas repetidas se consideraron diferentes cuando $P < 0.05$. El ARNm de PAX3 y PAX7 incrementó del nacimiento al destete, manteniéndose estable posteriormente hasta los 365 días. El ARNm de PAX7 estuvo afectado por la interacción genotipo materno y edad, ya que se incrementó hasta los 365 en los terneros hijos de PU pero en hijos de CR se incrementó hasta el destete, disminuyendo a los 365 días. El ARNm de PAX3 estuvo afectado por la interacción oferta de forraje y edad ya que se incrementó del nacimiento a los 365 días en BOF pero en AOF, se incrementó al destete disminuyendo posteriormente a los 365 días. La expresión de ambos transcritos en músculo presentó un patrón similar y al año de vida de los terneros difirió por la nutrición y genotipo materno.

Subir

F29 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS A ADIPOGÉNESIS INTRAMUSCULAR DE TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V., MACHADO, P., ESPASANDÍN, A.C., PEREYRA, F., CARRIQUIRY, M.

Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo Uruguay

Con el objetivo de evaluar el efecto del genotipo materno y la nutrición durante la fase fetal y de lactancia sobre la expresión en el músculo *Semitendinoso* de genes candidatos para adipogénesis intramuscular en terneros durante el primer año de vida, se utilizaron 40 terneros (machos y hembras), en un diseño de bloques al azar. Durante la gestación y lactancia, las madres (puras-PU Angus/Hereford; y cruza F1-CR) pastorearon alta o baja oferta de forraje campo nativo (10 vs. 6 kg MS/100kgPV/d en promedio, AOF vs BOF, respectivamente), resultando en 4 tratamientos (PU-AOF, PU-BOF, CR-AOF, CR-BOF, n=10/tratamiento). En las primeras 72h de vida, a los 142 (destete) y 365±15 días de edad, se tomaron muestras de músculo *Semitendinoso*, y cuantificó la expresión relativa de los genes PPAR γ y SREBP1 usando SYBR-Green PCR en tiempo real. Las medias de un análisis de medidas repetidas se consideraron diferentes cuando $P < 0.05$. La expresión de ARNm de PPAR γ fue mayor en hijos de PU que CR y se incrementó desde el nacimiento a los 365 días. Sin embargo, hubo una interacción entre oferta de forraje y edad ya que este incremento solo fue evidente en BOF. La expresión de ARNm de SREBP1 incrementó desde el nacimiento al destete. Sin embargo la triple interacción (oferta x genotipo materno x edad) tendió a ser significativa ya que este transcripto incrementó al destete en PU-BOF y al los 365 días en PU-AOF, CR-AOF y CR-BOF. La oferta de forraje y el genotipo materno afectaron la expresión de ARNm de PPAR γ y SREBP1 en músculo, sugiriendo una tendencia al engrasamiento más precoz en los terneros hijos de PU y en BOF.

Subir

F30 POSTER

EXPRESIÓN DE GENES ASOCIADOS CON EL CRECIMIENTO Y DESARROLLO DEL TEJIDO MUSCULAR EN TERNEROS DE RAZAS CARNICERAS

GUTIÉRREZ, V., MACHADO, P., ESPASANDÍN, A.C., PEREYRA, F., CARRIQUIRY, M.

Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo Uruguay

Con el objetivo de evaluar el efecto del genotipo materno y la nutrición durante la fase fetal y de lactancia sobre la expresión en el músculo *Semitendinoso* de genes candidatos para crecimiento y desarrollo muscular en los terneros durante el primer año de vida, se utilizaron 40 terneros (machos y hembras, n=10/tratamiento), en un diseño de bloques al azar. Durante la gestación y lactancia, las madres (puras-PU Angus/Hereford; y cruza F1-CR) pastorearon alta o baja oferta de forraje campo nativo (10 vs. 6 kg MS/100kgPV/d en promedio, AOF vs BOF, respectivamente). En las primeras 72h de vida, a los 142 (destete) y 365±15 días de vida, se tomaron muestras de músculo *Semitendinoso*, y se cuantificó la expresión relativa de ARNm de IGF-I, IGFR1, IGFBP3 e IGFBP5 usando SYBR-Green PCR en tiempo real. Las medias de un análisis de medidas repetidas se consideraron diferentes cuando $P < 0.05$. El ARNm de IGF-I se incrementó a los 142 y 365 días. Sin embargo, la triple interacción (oferta x genotipo materno x edad) fue significativa ya que el incremento fue solamente evidente en BOF al destete en terneros de ambos genotipos maternos pero a los 365 días solamente en hijos de CR. El ARNm de IGFR1, IGFBP3 e IGFBP5 se incrementó desde el nacimiento a los 365 días. La expresión de IGFR1 fue mayor en hijos de CR que PU, y de IGFBP5 fue mayor en hembras que machos. La expresión en músculo de genes del sistema IGF en terneros varió a lo largo del primer año de los terneros y estuvo modulada parcialmente por la nutrición y el genotipo materno.

Subir

F31 POSTER

ASOCIACIONES GENÉTICAS ENTRE FIBRAS MEDULADAS, PRODUCCIÓN Y DIÁMETRO DE LANA EN CORRIEDALE

ANA L. SÁNCHEZ¹, JORGE I. URIOSTE¹, KARINA NEIMAUR², INÉS SIENRA², ROBERTO KREMER²

¹Facultad de Agronomía, Garzón 780. Montevideo, Uruguay.

²Facultad de Veterinaria, Lasplaces 1620. Montevideo, Uruguay.

Estudios de asociaciones genéticas entre la presencia de fibras meduladas (FM) con caracteres del vellón en la raza Corriedale son prácticamente inexistentes. El objetivo de este trabajo fue estimar asociaciones genéticas entre FM y peso de vellón sucio (PVS), peso de vellón limpio (PVL) y diámetro de fibra (DF). Se dispuso de una base de datos con información genealógica de 3800 animales, registros de FM de 688 animales y de características del vellón de 811 animales. Se estimaron heredabilidades y correlaciones genéticas entre características de medulación (presencia de FM, presencia de kemps (K) y presencia de FM totales (FMT= FM+K)) y características del vellón (PVS, PVL y DF), utilizando un “modelo animal bivariado” que tomó en cuenta los efectos de majada, año y animal. Para ello se utilizó el programa Thrgibbs1f90. El promedio de las heredabilidades (desvío estándar) para FMT y FM fue de 0.22(0.09), para K fue de 0.26(0.11), para DF de 0.58(0.10), para PVS fue de 0.34 (0.08) y para PVL de 0.39 (0.08). La correlación genética encontrada entre FMT-DF y entre FM-DF fue de 0.08(0.38), entre FMT-PVS y FM-PVS de 0.22(0.26) y entre FMT-PVL y FM-PVL de 0.15(0.24); entre K y DF fue de 0.34(0.33), entre K y PVS fue de 0.19(0.25) y entre K y PVL fue de 0.11(0.24). Los valores de correlación genética, si bien fueron positivos no fueron distintos a cero, lo cual implica que al seleccionar por mayor PVS o menor DF no se espera un aumento en los niveles de FM en el vellón.

Subir

F32 POSTER

ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMO 878TC Y 17924AG CON LA COMPOSICIÓN DE ÁCIDOS GRASOS EN LECHE EN GANADO FRISON NEGRO CHILENO

KARLA INOSTROZA^{1,3}, ERICK SCHEUERMANN², NÉSTOR SEPÚLVEDA²

¹Depto. Producción Agropecuaria, ²Depto. Ingeniería Química, ³Doctorado en Cs. Biología Celular y Molecular Aplicada
Universidad de La Frontera, Temuco, Chile

Fueron identificados dos polimorfismos (878TC en el gen SCD y 17924AG en el gen FASN) y su asociación con la composición de ácidos grasos de leche. Se recolectaron muestras de leche de 50 vacas Frison Negro Chileno, mantenidas en solo rebaño, con igual régimen alimenticio, producciones diarias de leche y estado de lactancia similares. Los ácidos grasos de cada muestra fueron extraídos, analizados y cuantificados (mg/g de leche) mediante cromatografía gaseosa. Los genotipos fueron determinados utilizando la técnica PCR-RFLP (polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción). La leche de animales con genotipo CC presentan mayores contenidos de los ácidos grasos C14:1, C17:1, C18:1n9t y contenido total de ácidos grasos monoinsaturados y una alta relación 14:1/14. Además, debido a la importancia del isómero de ácido linoleico conjugado predominante en leche bovina, se identificó *cis*-9, *trans*-11 ácido linoleico conjugado en las muestras de leche, encontrándose mayores contenidos en animales con genotipo CC. En relación a los genotipos en el gen FASN, el genotipo GG presenta mayores contenidos de C14:0, C16:0 y C18:0. A pesar de no encontrar diferencias en el contenido total de ácidos grasos monoinsaturados, se observan diferencias significativas en el contenido de C18:1n9t. Por lo tanto, estos polimorfismos pueden ser marcadores genéticos útiles para estudios de composición de ácidos grasos.

Subir

F33 POSTER

MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CURVA DE PRODUÇÃO DE OVOS ACUMULADA EM CODORNAS DE CORTE

VIVIAN PAULA SILVA FELIPE¹, LUCIANA SALLES DE FREITAS¹, RAFAEL BASTOS TEIXEIRA², ROBLEDO ALMEIDA TORRES², MARTINHO DE ALMEIDA E SILVA¹

¹UFMG/Brasil; ²UFV/Brasil

Existem poucas informações a respeito do potencial genético e de resposta a seleção de codornas de corte quanto à produção de ovos. Objetivou-se utilizar modelos de regressão aleatória (MRA) para a descrição de parâmetros genéticos da curva de postura de codornas de corte UFV2, avaliadas do 77º ao 182º dia de idade, dividido em quatro períodos de 35 dias. Os dados foram provenientes de 1073 fêmeas coletados ao longo de seis gerações. Para análise, foi aplicado MRA utilizando polinômios de Legendre de segundo grau considerando efeito fixo de geração, e efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente para a trajetória de produção de ovos além do efeito residual. Os resultados mostram maiores valores de variância genética aditiva para produção acumulada de ovos ao 112º e 182º dias de idade (6,61 e 7,32, respectivamente). Para correlações genéticas, observou-se valor acima de 0,8 entre todas as idades abaixo de 182 dias, ou seja, aves que apresentam alto potencial genético para postura no 77º dia de idade continuam sendo melhores até o 147º dia. Entretanto, a correlação genética foi negativa entre a idade 182 dias e as outras (77 dias: -0,51; 112 dias: -0,61 e 147 dias: -0,19), ou seja, associação moderadamente negativa entre a genética inicial e final para produção de ovos, sugerindo que aves que botam mais ovos no início possam ter menor persistência de produção. Os valores de herdabilidades para as idades 77, 112, 147 e 182 foram 0,090, 0,037, 0,007 e 0,015, respectivamente, indicando baixo potencial de resposta à seleção para esta característica, como esperado para características reprodutivas.

Subir

F34 POSTER

AVALIAÇÃO DA TEMPERATURA RETAL E FREQUÊNCIA RESPIRATÓRIA EM BOVINOS LEITEIROS COMO FERRAMENTA DE SELEÇÃO PARA TERMOTOLERÂNCIA

SILVIA MANDUCA TRAPP¹, FLAVIO ANTONIO BARCA JUNIOR¹, FLAVIO GUISELLI LOPES¹, SILVIO RENATO OLIVEIRA MENEGASSI², CELSO KOETZ JUNIOR, WERNER OKANO¹, FLAVIO BACCARI JUNIOR³

¹Curso de medicina veterinária da UNOPAR - Brasil. ²Doutorando da UFRGS - Brasil.

³Pesquisador colaborador.

As respostas aos estressores climáticos dependem principalmente do genótipo do animal e da intensidade do agente estressor. O estresse calórico promove alterações na homeostase, reduz a ingestão de alimentos e tem efeitos marcantes sobre a produção e constituintes do leite. O Brasil é um país de clima quente com dois terços de seu território na faixa tropical do planeta, sendo importante selecionar animais termotolerantes. O objetivo deste trabalho foi aferir a temperatura retal (TR) e a frequência respiratória (FR) de animais HPB e Girolando e avaliar a possibilidade de utilizá-la como ferramenta de seleção para termotolerância. O trabalho foi conduzido no município de Tamarana, região norte do Paraná, Brasil, com clima tipo Cfa. Oito vacas da raça Girolando e oito vacas HPB, tiveram FR e TR aferidas três vezes/dia por cinco dias, durante o mês de fevereiro. Não foi observada diferença significativa entre os grupos quanto à FR e TR, tal fato pode estar relacionado às condições climáticas durante a avaliação, no primeiro dia às 13:00 h a temperatura foi de 37°C e ITGU de 99,74 e ITU de 86,14, nos demais dias foi próximo dos 25°C com ITGU e ITU inferiores a 80. As condições durante o experimento não proporcionaram desafio quanto ao estresse calórico. Alguns animais dentro do seu grupo genético apresentaram diferenças entre os valores de TR e FR. Esta informação indica a possibilidade de selecionar os animais, pois os que apresentaram valores acima dos aceitos para o grupo genético seriam considerados termosensíveis.

Subir

F35 POSTER

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA GORDURA E PROTEÍNA DO LEITE EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO

LUCIANA SALLES DE FREITAS¹, VIVIAN PAULA SILVA FELIPE¹, RUI DA SILVA VERNEQUE², MARIA GABRIELA CAMPOLINA DINIZ PEIXOTO², RAPHAEL ROCHA WENCESLAU¹, MARTINHO ALMEIDA E SILVA¹

¹Departamento de Zootecnia UFMG, Brasil – email:lucianafreitas1002@hotmail.com

² Embrapa Gado de Leite, Brasil

As novas políticas de gratificações por qualidade e presença de certos constituintes do leite incentivaram estudos nesta área, com aumento da preocupação dos efeitos de ambiente sobre as características de sólidos no leite. Este trabalho objetivou investigar a presença de interação genótipo x ambiente para produção de gordura e proteína do leite em vacas da raça Gir leiteiro. Foram avaliadas 1094 observações de primeiras lactações de vacas Gir utilizadas no Programa Nacional de Melhoramento do Gir leiteiro, pela Embrapa Gado de leite. Os rebanhos foram divididos em três níveis de produção: baixo, médio e alto, respectivamente, com médias 1788, 2970, 4059 litros de leite. Para análise, foi aplicado modelo de regressão aleatória que considerou efeito fixo de grupo contemporâneo, efeito aleatório genético aditivo tendo o nível de produção como covariável, além do efeito residual; para modelagem foram utilizados polinômios de Legendre. A variância estimada para o intercepto foi maior do que a do coeficiente linear do efeito genético aditivo direto para as duas características, com correlação entre esses coeficientes de 0,44 para gordura e -0,80 para proteína. A estrutura de covariância estimada apresentou acentuada inclinação em direção aos níveis de produção mais altos. As normas de reação para os 10 melhores touros no ambiente de baixa produção apresentaram alta dispersão e alteração no ordenamento dos reprodutores nos níveis mais altos de produção. O que evidencia interação genótipo x níveis de produção nos valores genéticos dos indivíduos, assim avaliações genéticas realizadas sob determinado nível de produção, não permitiriam a predição de valores genéticos para as características avaliadas, válidos para outros níveis.

Subir

F36 POSTER

ASSOCIATION BETWEEN A SNP OF IL2 GENE AND GASTROINTESTINAL RESISTANCE IN GOAT

BRESSANI F.A.^{1,6}, TIZIOTO P.C.², MEIRELLES S.L.³, MALAGÓ-JR W.¹, GIGLIOTI R.⁴, IBELLI A.M.G.², COUTINHO, R.⁵, CARRILHO, E.⁶, ZAROS L.G.⁵, VIEIRA, L.S.⁷, REGITANO L.C.A.¹

¹Embrapa Southeast Cattle Research Center, São Carlos, Brazil; ²UFSCar, Dept of Genetics and Evolution, São Carlos, Brazil; ³UFLA, Lavras, Brazil; ⁴UNESP, Jaboticabal, Brazil; ⁵UFRN, Natal, Brazil; ⁶University of São Paulo, São Carlos, Brazil; ⁷Embrapa Goats and Sheep, Sobral, Brazil

Interleukin-2 (IL2) is a gene belongs to a family of cytokines, which are major mediators of the immune response. So the IL2 gene is a functional candidate gene to influence the immune response in goat. This work aimed prospect SNPs in the IL2 gene and to test its associations with resistance to gastrointestinal infection in goat. A total of 229 animals that compound a population F2 offspring from a F1 intercross, which was in turn produced by crossing Saanen pure breed, considered to be susceptible to gastrointestinal endoparasites, with Anglo-Nubiana pure breed, considered to be resistant was used to obtained a sample of 44 animals extremes for resistance. These extremes animals were obtained from residues of statistical model that corrected the phenotypic data (obtained from parasitological examination of feces samples by the eggs per gram (EPG) method) to environmental variations. The genotypic data was produced by sequencing part of the IL2 gene. The sequences were further analyzed by using the Phred, Phrap, and Consed programs. A SNP (T/A) identified within the intron 1 of IL2 gene was analyzed by Fisher test and showed significant association with resistance against gastrointestinal infection by nematodes ($P = 0.0385$). This SNP can be used in marker assisted selection if this association could be validated in others populations.

Subir

F37 POSTER

ANÁLISIS GENEALÓGICO EN UNA MUESTRA DE LA POBLACIÓN DE LIMOUSIN DEL URUGUAY

FERNANDO MACEDO, RODRIGO LÓPEZ, BEATRIZ MERNIES, ELLY A. NAVAJAS

Área Mejora Genética, Departamento de Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria. mejora_genetica@fvet.edu.uy

Se analizó la genealogía de 1395 individuos de la raza Limousin pertenecientes a 30 cabañas con el objetivo de determinar los niveles de parentesco y consanguinidad en dicha población. Se consideraron los registros genealogicos disponibles en la Asociación Rural del Uruguay de animales nacidos desde 1970 a 2009. La base de datos constó de 755 machos y 640 hembras. Del total de individuos, el 90% tienen padre y madre identificados y se conoce el 63% y el 86% de los abuelos paternos y maternos respectivamente. En promedio, 32% de la población presenta hasta la cuarta generación completa. La consanguinidad media observada fue de 0,036. Los valores son cero hasta 1982, cuando se registran los primeros animales consanguineos. Luego se incrementa en los años siguientes, lo que coincide con un aumento del número de animales registrados, con valores máximos de consanguinidad de 0,149 (1988). A partir de 1993 la consanguinidad media disminuye y se mantiene próxima al promedio con excepción del año 1996 en que la misma disminuye a 0, probablemente debido a la importación de semen de un origen diferente al utilizado previamente. El parentesco promedio de la población presenta una tendencia similar, con valores cercanos a 0 hasta 1980 cuando asciende a 0,111, para luego disminuir y estabilizarse cercano a 0,055 (promedio general). Este estudio permite inferir que los cabañeros han realizado un manejo de los apareamientos que ha permitido mantener la consanguinidad constante a un nivel relativamente bajo. Es importante destacar que dado el bajo censo de la población es necesario mantener un control continuo para evitar niveles de consanguinidad elevados que puedan representar riesgo.

Subir

F38 POSTER

DEPRESIÓN ENDOGÁMICA SOBRE PESO AL NACER EN UNA POBLACIÓN DE LA RAZA LIMOUSIN DEL URUGUAY

RODRIGO LÓPEZ CORREA, FERNANDO MACEDO, BEATRIZ MERNIES Y ELLY A. NAVAJAS

Depto. Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Veterinaria, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de la consanguinidad individual sobre el peso al nacer (PN) (depresión endogámica) en una población Limousin con pedigrí inscripto. Los coeficientes de consanguinidad individuales (F) fueron calculados en base a datos genealógicos de 1395 individuos (ver Macedo y col. presentado en este congreso). El efecto de F sobre PN se estimó en una subpoblación que contaba con información fenotípica de 596 animales nacidos entre 1979 y 2009. La media y desvío estándar de PN fue de 39.0 y 3.5 kg, respectivamente, teniendo el 25% de los individuos PN superior a 41 kg. El F promedio fue de 0.046. Se agruparon los datos en tres clases según nivel de F ($F=0$, $n=224$; $0<F\leq 0.10$, $n=258$; $F>0.10$, $n=114$). Se analizó PN con un modelo animal, incluyendo como efectos fijos al sexo del animal (macho; hembra), el año de nacimiento, la edad de la madre (<5 , $5-8$, >8 años), y F del animal (covariable lineal o categórico). El efecto animal se incluyó como aleatorio. Sexo, año y edad de la madre fueron efectos significativos ($P<0.001$), mientras que F no influyó sobre el PN ($P=0.39$). Se analizó un segundo modelo en el cual se incluyeron las variables del primer modelo y el F como covariable cuadrática; pero no tuvo un mejor ajuste ($P=0.55$). Estos resultados coinciden con otros disponibles en la bibliografía. El bajo promedio de F en la subpoblación analizada así como la selección a favor de mayor crecimiento pueden ser algunas de las razones que contribuyan a explicar la ausencia de depresión endogámica en este estudio.

Subir

F39 POSTER

TESTING A SOFTWARE FOR PATERNITY EXCLUSION USING A HIGH DENSITY SNP CHIP AND NELORE CATTLE SAMPLES

M.A. MUDADO¹, P.C. TIZIOTO², F. SIQUEIRA³, A.N. ROSA³, R.A. TORRES³, L.O.C. SILVA³, L.C.A. REGITANO¹

¹Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil.

²Pós-Graduação em Genética e Evolução, UFSCar, SP, Brasil. Bolsistas: *FAPESP; ⁺CAPES.

³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

Misinformation about paternity is a problem for beef and milk cattle breeding programs. High density genotyping platforms using SNPs have been used for GWAS (Genome Wide Association). Moreover these platforms generate a rich resource of genotyped SNPs that can be used as markers in paternity exclusion tests. In this work we developed a software that provides an exclusion paternity test for high throughput SNP genotyping. Samples from 32 Nelore sires chosen to represent the main genealogies marketed in Brazil and 136 nelore steers produced by artificial insemination were genotyped. The platform used was Illumina BovineHD Genotyping Beadchip that has ~770k SNPs. The algorithm developed first run a quality control filter that selected only markers that: i) were in Hardy Weinberg equilibrium, ii) had MAF>0.4 and iii) had Illumina's accuracy GC Score > 0.8. Around 450k markers were selected and pair wise comparisons of the 168 individuals were performed by counting mendelian inconsistencies between them. A statistic test was implemented to provide the probability of excluding relatives of the true father. Initially, around 600 markers for each pair of individuals compared were used and the power of exclusion of a true father was around 1e-15. The results showed 9 wrong father-son classifications that could be fixed using our methodology. The software was developed in the Perl language with use of a MySQL database and run in a 12-core local linux server machine.

Subir

F40 POSTER seleccionado como presentacion oral

IDENTIFICATION OF NEW GENES IN CATTLE OF DIFFERENT GENETIC GROUPS ACTIVATED IN RESPONSE TO TICK *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*

A.M.G. IBELLI¹⁺, P.F. GIACHETTO², F.F. CARDOSO³, R.H. HIGA², M.E.B. YAMAGISHI², M.C.S. OLIVEIRA⁴, A.R.B. RIBEIRO⁵, P.C. TIZIOTO^{1*}, L.C.A. REGITANO⁴

¹Pós-Graduação em Genética e Evolução, UFSCar, SP, Brasil. Bolsistas: *FAPESP; +CAPES.

²Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP, Brasil.

³Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil.

⁴Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil.

⁵Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo, SP, Brasil

One of the main constraints in Brazilian cattle production and many tropical countries are caused by parasitism of *Rhipicephalus microplus* tick. In order to understand the host – parasite relationship, this study evaluated CHI3L2, CXCL5, IGHG1, ISG15 and PGLYRP1 gene expression in three genetic groups of cattle infested with *R. microplus* tick. For this, skin samples from 45 Nellore and crossbreed females, Senepol x Nellore and Angus x Nellore were collected before the 1st infestation and 24 hours after the 4th infestation with 20,000 *R. microplus* larvae. Following, total RNA was extracted, cDNA was synthesized and quantitative PCR was performed. Genes chosen for this analysis were previously detected in a microarray experiment. The gene constitutive used was RPS-9 and SYBR Green, as dye. Statistical analysis was performed using REST 2009 software (*Relative Expression Software Tool*), specific to quantitative PCR analysis. There were significant differences ($P<0.05$) for the five genes studied. These genes were activated within 24 hours after tick infestation and, generally, are involved in many metabolic pathways (e.g. chemokine signaling, peptidoglycan recognition and immune response), and this is the first identification in response to tick. Based on these results, it is possible to conclude that these genes must be related to the mechanisms of protecting the cattle against tick infestation, probably helping the detachment in the early larval infestation, a critical period for the maintenance of tick larvae in cattle and other mammals.

Subir

F41 POSTER

UTILIZAÇÃO DE ENZIMAS DE RESTRIÇÃO PARA DETECÇÃO DE POLIMORFISMOS NO GENE DO HORMÔNIO DO CRESCIMENTO EM *Coturnix japonica*

DÉBORA MARQUES VOLTOLINI, ELIANE GASPARINO*, ANA PAULA DEL VESCO, STEFÂNIA CAROLINE CLAUDINO DA SILVA E LIEGE ALHER MARQUES.

Departamento de Zootecnia - Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790. Maringá - Paraná, Brasil. *Autor para correspondência - E-mail: egasparino@uem.br

As endonucleases de restrição são enzimas que atuam reconhecendo seqüências de pares de bases em moléculas de DNA e cortando-as nesses pontos. Elas são altamente específicas reconhecendo e cortando apenas uma determinada seqüência de nucleotídeo. As endonucleases de restrição são ferramentas eficientes e reprodutíveis, sendo utilizadas por diversos pesquisadores como uma nova técnica para mapear genomas de vírus, bactérias e de outros organismos. Estudos genéticos com codornas são bem menos freqüentes do que os desenvolvidos para frangos, de postura ou corte. Este trabalho teve como objetivo estudar um fragmento do gene do hormônio do crescimento em *Coturnix japonica*, seqüenciado anteriormente pelo nosso grupo e identificar enzimas de restrição capazes de detectar polimorfismos genéticos neste gene, possibilitando utilizar essa informação em programas de melhoramento. Foi observada alta homologia entre os fragmentos analisados e a seqüência do mesmo gene em galinha, sendo verificadas mutações pontuais como transversões e transições, além de deleções e inserções de bases. Na espécie *Coturnix japonica* foram verificados 20 polimorfismos, estando a maioria desses localizados nas regiões de íntrons. Entretanto, na região 5'UTR no éxon 1, foi detectada um importante polimorfismo (C/T), o qual pode ser utilizado em diversos estudos de associações com características de interesse econômico, visto que em outras espécies, polimorfismos nesta mesma região indicaram associação com características de produção. Para detecção desses polimorfismos foram sugeridas 33 enzimas possíveis, sendo que para o polimorfismo na região 5'UTR as enzimas sugeridas foram as *Alw26I*, *BsmAI*. Agradecimentos: Procad – CAPES.

Subir

F42 POSTER

INFLUENCE OF SNPS OF THE *MYOD1* AND *MYF5* GENES ON CARCASS AND MEAT TRAITS IN NELORE BEEF CATTLE (*Bos indicus*) AND IN THEIR CROSSES WITH *Bos taurus*

ROGÉRIO ABDALLAH CURI¹, JOSINEUDSON AUGUSTO II V. SILVA¹, ANTÔNIO CARLOS SILVEIRA¹, HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA² AND MARCÍLIO DIAS SILVEIRA DA MOTA¹

¹Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP 18618-000, Brazil.

²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP 14884-900, Brazil.

The *myogenic differentiation 1* (*MYOD1*) and *myogenic factor 5* (*MYF5*) are known functional and positional candidate genes for economically important traits in livestock. In view of the relative lack of information regarding the potential use of molecular markers for selection in *Bos indicus* animals, especially in the Nelore breed, which are relevant for the beef industries in Brazil, the aim of this study was to evaluate the effects of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the genes *MYOD1* (NC_007313:g.1274A>G) and *MYF5* (NC_007303:g.1911A>G) on carcass and meat traits in Nelore and Nelore x *Bos taurus* beef cattle. A total of 300 animals were genotyped and phenotyped for rib eye area (REA), backfat thickness (BT), intramuscular fat (IF), shear force (SF) and myofibrillar fragmentation index (MFI). The allele substitution effects for each SNP were estimated by regression of the phenotypes analyzed on the number of copies of a particular allele using the General Linear Model procedure. The polymorphisms of the *MYOD1* and *MYF5* were little informative in Nelore animals with G allele frequency of 0.097 and A allele frequency of 0.031, respectively. Moreover, these markers showed no associations with the analyzed traits in the total sample of studied animals. These results suggest the unsuitability of the SNPs NC_007313:g.1274A>G of the *MYOD1* and NC_007303:g.1911A>G of the *MYF5* for use in marker-assisted selection in cattle with breed compositions similar to those described here. Support: Fundunesp

Subir

F43 POSTER

SISTEMA DE MONITORAMENTO À DISTÂNCIA DE MICROCOMPUTADORES UTILIZADOS EM AVALIAÇÕES GENÉTICAS DE POPULAÇÕES ANIMAIS.

E.C. DE MATTOS¹, J.B.S. FERRAZ¹, J.P. ELER¹, L. G. G. FIGUEIREDO¹,
G.G. DA CUNHA¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Cx Postal 23, 13.650-900, Pirassununga – SP, Brasil limattos@usp.br

O objetivo deste trabalho foi desenvolver um sistema de monitoramento remoto de recursos de microcomputadores utilizados em avaliações genéticas de rebanhos, operando sob ambiente Linux, que são de extrema importância para a adequada estruturação de avaliações genéticas de populações animais, obtendo-se, com isso, uma melhor otimização da razão máquina/tempo. Desenvolvido pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, onde são realizadas as estimativas de (co)variância, parâmetros e valores genéticos de populações animais. Com este sistema é possível visualizar graficamente a utilização da memória RAM, da CPU e o período em dias que os micros estão em processamento contínuo. São gerados gráficos diários, semanais, mensais e anuais. É possível, por exemplo, monitorar as máquinas mais usadas e o tempo de utilização, qual o percentual de memória alocado e disponível para iniciarmos outras análises, bem como tomar decisões de melhoria de equipamentos e inclusão de novos usuários, para que não ocorra sobrecarga de alguns computadores. Utiliza um servidor *web*, onde um *script* é executado a cada cinco minutos, atualizando *logs* necessários para gerar os gráficos, este processo usa as informações geradas pelos pacotes *monclt* e *monsrv* instalados em todos os microcomputadores que podem ser monitorados. Os resultados são apresentados através do link <http://www.usp.br/gmab/analises/index.html>. Desta forma, tem-se com esta ferramenta acesso rápido aos recursos computacionais disponíveis para pesquisadores e alunos de pós-graduação, visando à potencialização do uso das máquinas do parque de informática do GMAB.

Subir

F44 POSTER

EXPRESSÃO DO MRNA COX III, NO MÚSCULO DO PEITO DE CODORNAS EM DIFERENTES IDADES

ANA PAULA DEL VESCO, ELIANE GASPARINO*, STEFÂNIA CAROLINE CLAUDINO DA SILVA, DEBORA MARQUES VOLTOLINI E LIEGIE ALHER MARQUES.

Departamento de Zootecnia - Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá - Paraná, Brasil. *Autor para correspondência - Email: egasparino@uem.br

Animais mais eficientes em converter alimentos em peso corporal podem apresentar alterações na expressão de genes da cadeia transportadora de elétrons, desta forma o presente trabalho foi desenvolvido com objetivo de avaliar o efeito do avanço da idade sobre a expressão de mRNA do citocromo c oxidase III (COX III) em codornas. Foram utilizadas codornas de corte de um dia distribuídas em quatro tratamentos (sete, 14, 21 e 28 dias de idade). Ao final de cada período experimental seis codornas de cada idade foram abatidas por deslocamento cervical. O RNA total foi extraído do músculo do peito com a utilização do reagente Trizol (Invitrogen®) de acordo com as recomendações do fabricante, o cDNA foi confeccionado usando transcrição reversa oligo(dt). Com a utilização de primers específicos para os genes em estudo foi realizada análise de PCR em tempo real. Com o passar da idade foi observado redução na expressão do mRNA COX III no músculo esquelético das aves, observou-se declínio de 39% aos 14 dias, 49% aos 21 dias e 30% aos 28 dias, comparada a expressão desse gene com a primeira idade analisada. Entretanto, aves com 21 dias apresentaram aumento na expressão em relação a aves de 28 dias (4,46 vs 6,11). Assim, pode-se concluir neste estudo que há uma relação entre a idade das codornas e a expressão de alguns genes mitocondriais da cadeia transportadora de elétrons.

Agradecimentos: PROCAD-CAPES

Subir

F45 POSTER

ANÁLISE GENÉTICA DOS PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS

PATRICIA THOLON¹, ALBA REGINA ANDRADE MENDES², PATRÍCIA DE OLIVEIRA LIMA³, RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA⁴, DIEGO BARROZO⁵ E SANDRA AIDAR DE QUEIROZ⁶

¹Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil. E-mail: ptholon@cppse.embrapa.br.

²Graduanda em Zootecnia, Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), Mossoró, RN, Brasil. E-mail: alba_mendes@zootecnista.com.br - Bolsista PIBIC.

³Professora Adjunta, Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), Mossoró, RN, Brasil. E-mail: pattlima@ufersa.edu.br.

⁴Graduando em Zootecnia, Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), Mossoró, RN, Brasil. E-mail: renatodiogenes@gmail.com.

⁵Secretaria de Agricultura e Abastecimento – CODEAGRO – E-mail: diego.barrozo@yahoo.com.br

⁶UNESP/FCAV, Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: saquei@fcav.unesp.br - Bolsista do CNPq.

A raça Santa Gertrudis possui características de bom crescimento e adaptação, sendo importante avaliar o seu padrão de crescimento. Portanto, objetivamos avaliar as estimativas de herdabilidade dos parâmetros da curva de crescimento Richards para esta raça. O trabalho foi realizado no Departamento de Ciências Animais na Universidade Federal Rural do Semiárido e Embrapa Pecuária Sudeste. Os dados analisados foram provenientes da Associação Brasileira de Santa Gertrudis com um total de 115.580 informações de pesos. Foram realizadas as consistências dos arquivos e a estimação dos parâmetros da curva, pelo método de Gauss-Newton (SAS[®]). Foram gerados parâmetros para cada animal e realizada a análise de variância verificando os efeitos ambientais que incidem sobre os parâmetros peso assintótico (A), taxa de maturação (k) e parâmetro de inflexão (m). Após esses procedimentos foram estimados os valores de herdabilidade para os parâmetros utilizando o software MTDFREML. Os valores médios de A , k e m foram 542,8, 0,00241 e 1,3161 e as herdabilidades e erros-padrão estimados foram $0,11 \pm 0,012$, $0,57 \pm 0,001$ e $0,53 \pm 0,221$ para A , k e m , respectivamente. Assim, espera-se que a seleção baseada nos parâmetros k e m deverá proporcionar ganhos genéticos efetivos ao longo do tempo.

Subir

F46 POSTER

ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS INDICADORAS DE TEMPERAMENTO E PRECOCIDADE SEXUAL EM BOVINOS DA RAÇA NELORE.

TIAGO DA SILVA VALENTE^{1*}, MATEUS J. R. PARANHOS DA COSTA², FERNANDO BALDI², ALINE CRISTINA SANT'ANNA¹, PAOLA MORETTI RUEDA¹ E LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE²

¹Pós-Graduação, FCAV-UNESP, Jaboticabal-SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal-SP, Brasil.

Objetivou-se avaliar a associação genética entre uma característica indicadora de temperamento com precocidade sexual e peso a desmama (PD) em bovinos da raça Nelore. O temperamento de 4.579 animais foi avaliado através da velocidade de saída (VS), em m/s, obtida com uso do equipamento “*flight speed*” posicionado na saída da balança. Foram utilizados 22.413 registros de idade ao primeiro parto (IPP), em dias, e 106.000 de PD. A idade dos animais foi considerada como covariável com efeito linear para VS e linear e quadrático para PD, que foi utilizado como característica ancora. Os grupos de contemporâneos (GC) incluíram os efeitos de fazenda de nascimento, grupo de manejo a desmama, retiro e data da avaliação e sexo para VS, ano e estação de nascimento, fazenda e grupo de manejo de nascimento e sobreano para IPP, fazenda, ano, estação e manejo de nascimento e sexo para PD. As análises foram realizadas utilizando programa Gibbs2F90. Para todas as características, o modelo considerou o efeito fixo de CG e como aleatório o efeito genético aditivo direto. Foi incluída para PD e VS a idade da mãe ao parto em classes e para PD o efeito aleatório genético materno e de ambiente permanente materno. As estimativas de herdabilidade foram 0,28, 0,09 e 0,22 para PD, IPP e VS respectivamente. As correlações genéticas estimadas foram: -0,26 (PD-VS) e 0,08 (IPP-VS). A seleção de animais com maior PD deve gerar resposta correlacionada favorável em VS. Entretanto, selecionar animais com menor IPP não acarretará respostas correlacionadas em VS.

Subir

F47 POSTER

ESTIMATION OF (CO)VARIANCE COMPONENTS AND GENETIC PARAMETERS FOR TICK RESISTANCE IN BEEF CATTLE MEASURED BY COUNTING IN TWO DIFFERENT BODY REGIONS¹

PATRÍCIA BIEGELMEYER², FERNANDO FLORES CARDOSO^{3,4}, CLÁUDIA CRISTINA GULIAS GOMES⁴, VANERLEI MOZAQUATRO ROSO⁵, NELSON JOSÉ LAURINO DIONELLO²

¹Funded by Embrapa SEG Grant 02.09.07.004. ²Federal University of Pelotas. ³CNPq Scholar. ⁴Embrapa Southern Region Animal Husbandry. ⁵Gensys Associated Consultants, Brazil.

The objectives of this study were to estimate (co)variance components and genetic parameters for bovine tick *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* resistance in Hereford and Braford cattle measured by counting in two different body regions. The animals belonging to the Delta G Connection genetic improvement consortium were raised in Southern Brazil. The number of ticks at inner hind legs region was counted in 6,622 animals between 2001 and 2008, and was recorded up to three consecutive counts at one side of body in 2,414 bovines between 2009 and 2010. Data consistency and contemporary groups formation were done using SAS, and pedigree file contained 19,063 records. Measurements on the two different body regions were regarded as different traits. Covariance components and genetic parameters were estimated in bivariate analysis using Bayesian inference. The model included the fixed effect of contemporary groups, breed composition, heterozygosity and linear and quadratic coefficients for age of the animal, and random additive genetic effects. The estimated heritabilities were 0.241 ± 0.067 for counting on one side and 0.164 ± 0.038 for counting on inner hinds legs. The genetic correlation between the counting on these two different body regions was 0.737 ± 0.111 . The heritabilities values suggest the possibility of genetic progress with the selection by these criteria. The larger heritability obtained by the multiple counting on one side of body indicates a greater precision in estimates of genetic values by the counting in this region, allowing for greater genetic gains in bovine ticks resistance.

Subir

F48 POSTER

PERFIL PROTEÔMICO DA CARNE DE BOVINOS NELORE COM GENÓTIPOS CONTRASTANTES PARA MACIEZ

BALIEIRO J.C. DE C.¹, ROSA A.F.¹, SILVA S.L.¹, GOMES R.C.¹, POLETI M. D.¹, MONCAU C.C.¹, SILVA V.A.M., CARITÁ A. G.¹, FORESTI V.E., MATTOS E.C.¹, ELER J.P.¹

Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA), Universidade de São Paulo – Brasil

O objetivo deste trabalho foi avaliar as mudanças no perfil protéico da carne de bovinos Nelore com genótipos contrastantes para maciez, utilizando a técnica de eletroforese bi-dimensional (2DE). Animais machos inteiros (N=76) com 19 meses de idade foram terminados em confinamento e abatidos. Os animais foram genotipados para identificação de polimorfismos (SNP) no gene da calpastatina (UOGCAST). Foram confeccionados géis de 2DE com pools de amostras de carne do músculo *Longissimus dorsi*, de cada grupo genético, coletadas após 14 dias de maturação, as quais foram imediatamente congeladas em nitrogênio líquido. As análises de 2DE consistiu-se de duas etapas: i) Focalização Isoelétrica: as proteínas foram separadas de acordo com seu Ponto Isoelétrico (PI) e; ii) Corrida Eletroforética: as proteínas previamente separadas pelo PI foram transferidas para um gel de agarose e novamente separadas em função de seu Peso Molecular. Os géis de 2DE foram escaneados e suas imagens digitalizadas foram analisadas com auxílio do programa ImageMaster 2D Platinum 7.0 (Amersham Biosciences). A análise dos géis permitiu a identificação de 273 spots nos géis nos genótipos CC, CG e GG, respectivamente. O estudo comparativo dos spots de cada gel indicou a presença de 263 “matches” em comum, desses 44 apresentaram diferenças significativas. De maneira geral, os 32 spots tiveram maiores volumes de expressão (%) em animais CC em relação aos animais GG. Em 6 spots foram observados maiores volumes de expressão (%) em animais GG relação animais CC. Em 6 spots foram verificadas maiores ou menores expressões para animais CG em relação aos animais CC e GG. Os resultados permitem concluir que existem diferenças significativas no perfil protéico da carne de bovinos com genótipos contrastantes para maciez. Entretanto, maiores estudos são necessários visando o entendimento das diferenças observadas e suas relações com o processo de maturação da carne.

Subir

F49 POSTER

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VELOCIDADE DE SAÍDA E ESCORES VISUAIS EM BOVINOS NELORE

MENEZES, L.M., PARANHOS DA COSTA, M.J.R., BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., SANT'ANNA, A.C., RUEDA, P.M.

Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP, Brazil, CEP 14884-900

O objetivo deste estudo foi estimar as correlações genéticas entre indicadores de temperamento (velocidade de saída==VS) e escores visuais de conformação (EC), de precocidade de terminação (PT) e de musculosidade (EM) avaliados em bovinos Nelore ao sobreano. A velocidade de saída foi obtida medindo a velocidade com que cada animal saiu do tronco de contenção após a pesagem, assumindo que o animal mais rápido é o de pior temperamento. Os escores visuais, com escalas de 5 pontos, foram atribuídos a cada animal, sendo que a expressão máxima de cada característica recebeu a nota 5. No total, 4374 medidas de VS e 62156 medidas de escores visuais foram analisadas. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo modelo animal para multi-características usando o método de inferência Bayesiana com amostragem de Gibbs, assumindo um modelo linear para VS e modelo não linear (threshold) para EC, PT e EM. No total, 250000 amostras foram geradas, com um período de burn-in de 50000 amostras, com amostragens a cada 50 ciclos. As médias de herdabilidade estimadas foram: 0.18 ± 0.05 (VS), 0.28 ± 0.01 (EC), 0.32 ± 0.02 (PT), e 0.31 ± 0.01 (EM). As correlações genéticas estimadas entre a VS e os escores visuais foram negativas e baixas, com valores de -0.02 ± 0.08 (VSxEC), -0.12 ± 0.05 (VS x PT) e -0.16 ± 0.05 (VS x EM). Esses resultados indicam que a seleção de animais com altos escores visuais de conformação, precocidade de terminação e musculosidade pode resultar, em longo prazo, em animais com pior temperamento.

Subir

F50 POSTER

EFEITO DO GRUPO GENÉTICO SOBRE A OCORRÊNCIA DO LEITE INSTÁVEL NÃO ÁCIDO

RENATA SUÑÉ MARTINS DA SILVA¹, MYLENE MÜLLER², LAÍS FERNANDA MIELKE³, ANNA LUIZA GEISLER MACIEL⁴, PATRÍCIA PEREIRA D'AVILA⁴, DARLENE DOS SANTOS DALTRO⁵

¹Pesquisadora - EMBRAPA Pecuária Sul, Bagé/RS; ²Prof.^a Adj.^a do Campus Dom Pedrito/UNIPAMPA, Dom Pedrito/RS; ³Acadêmica de Especialização UNIPAMPA-Campus Dom Pedrito, Dom Pedrito/RS; ⁴Graduanda de Medicina Veterinária – URCAMP, Bagé/RS; ⁵Graduanda de Zootecnia da UNIPAMPA, Campus Dom Pedrito, Dom Pedrito/RS

As causas da incidência do Leite Instável Não ácido (LINA) não estão totalmente esclarecidas. Todavia, a maioria dos trabalhos aponta para fatores ligados a nutrição. Porém, outros fatores podem estar correlacionados. Dentre esses, fatores genéticos associados aos tipos de κ -caseínas e outras proteínas lácteas. Na raça Holandês, o leite das vacas que apresentaram uma expressão do alelo B maior do que do alelo A do gen da κ -caseína, necessitaram de maior concentração de etanol para que ocorresse a precipitação do que o grupo que apresentou a mesma expressão dos dois alelos, e foi observado que a frequência da variante B para a κ -caseína era mais elevada em vacas da raça Jersey comparadas com vacas da raça Holandês. O objetivo deste trabalho foi verificar a influência do grupo genético sobre a ocorrência do LINA. Na Embrapa Pecuária Sul foram utilizados dois grupos genéticos: Jersey (JER) e Holandês (HOL), sendo analisadas 231 amostras de JER e 602 de HOL, totalizando 833 amostras de leite. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste Tukey a 5%. A ocorrência de LINA foi de 19,5% (n=45) para o JER e 64,5% (n=388) para o HOL. Houve diferença significativa ($P<0,01$) entre o grupo genético e os resultados obtidos para a incidência de LINA. O leite proveniente de JER apresentou a menor incidência de LINA, comparado ao HOL.

Subir

F51 POSTER

GENETIC CORRELATION ESTIMATES BETWEEN TEMPERAMENT AND WEIGHT GAIN IN NELLORE BEEF CATTLE

ALINE CRISTINA SANT'ANNA¹, MATEUS JOSÉ RODRIGUES PARANHOS DA COSTA², PAOLA MORETTI RUEDA³, FERNANDO BALDI², LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE²

¹Department of Animal Science, São Paulo State University, Unesp. Jaboticabal, Brazil.

²Post-Graduation in Genetics and Animal Breeding, São Paulo State University, Unesp. Jaboticabal, Brazil.

³Post-Graduation in Animal Science, São Paulo State University, Unesp. Jaboticabal, Brazil.

The aim of this study was to estimate the genetic association between temperament and average daily gain (ADG) in Nellore cattle. Temperament measurements of 4,590 Nellore cattle were obtained using the following methods: 1) flight speed (FS) recording the speed at which an animal **exited from the crush**, 2) score of movement inside the crush (MOV), ranging from 1 (no movement) to 4 (movements frequent and vigorous). The average daily gain (ADG) was obtained from weaning (8th month) to yearling (18th month) from 72,796 animals. The (co)variance components were estimated by animal model including random effects of additive genetic and residual effects, and fixed effects of contemporary group (CG), age of dam in class and age of animal at measurement as covariable (linear effect). For ADG quadratic effect of animal age was added to the model. Bayesian inference using linear-linear model (for FS-ADG analyses) and a threshold-linear model (for MOV-ADG analyses) were applied and Gibbs sampling was performed. Markov chains of 1,000,000 cycles were generated with a sampling interval of 100 iterations. The mean \pm standard deviation for ADG, VS and MOV were 0,298 \pm 0,092 kg/day, 2.17 \pm 1.03 m/s and 1.99 \pm 0.97, respectively. The genetic correlation estimates between AGD and temperament traits were low but in the expected direction, -0.13 \pm 0.12 (ADG-FS) and -0.29 \pm 0.15 (ADG-MOV). These results indicated selection for increasing ADG will not be efficient to genetically change animal's temperament. Financial support: CNPq, CAPES and FAPESP (Proc. 09/53609-7).

Subir

F52 POSTER

SEARCHING FOR SNP IN CAPN1 GENE AND ITS ASSOCIATION WITH SHEAR FORCE IN NELLORE CATTLE

M.M. SOUZA¹, F.A.BRESSAN², P.C.TIZIOTO¹, W. MALAGÓ-JR¹, F. SIQUEIRA³, A.N.ROSA³, L.O. CAMPOS DA SILVA³, R. DE ALMEIDA TORRES³, S.R. MEDEIROS³, R.R. TULLIO², M.M. ALENCAR², S.C.MÉO-NICIURA², L.C.A. REGITANO³

¹Pós-Graduação em Genética e Evolução, UFSCar, SP, Brasil.

²Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil.

³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

Tenderness variation affects beef palatability and is a major determinant of consumer's satisfaction. The μ -Calpain (CAPN1) gene plays an important role in the postmortem tenderization of meat. This work aimed to describe SNPs in CAPN1 gene specific for *Bos indicus* cattle and to test its associations with tenderness in Nellore animals with extremes phenotypes. A total of 137 animals were evaluated for shear force (SF) at 24 hours postmortem from which 14 extreme records were selected based on the residues of a mixed model that accounted for environmental variations. The mixed model included fixed effects of contemporary group and genotypes, age of the animal at the time of measurement and pH as a covariate. The genotypic data was produced by sequencing the transcribed sequence of CAPN1 gene. The sequences were further analyzed by using the Phred, Phrap, and Consed programs. Twenty SNPs were found, from which one was not yet described in public databases. This SNP is located in exon four, at 2,050 bp according to the sequence available in Ensembl database. A significant association between one SNP located in intron 13 at 22,346 bp of CAPN1 gene and SF ($P=0.0253$) resulted from the Fisher test applied to the analysis of frequency between extremes.

Subir

F53 POSTER

GENETIC CHARACTERIZATION OF OVINE POPULATIONS BY MOLECULAR MARKER¹

W.V.B. SOARES², V. R. HERLING³, G. GUTMANIS⁴, A. J. PIVETTA⁴, R.C.B. SILVA⁵, E.M.N. RIBEIRO⁵, M.A.C. LARA⁴

¹APTA Project NRP1825, FAPESP financial support 2010/06542-1

²APTA, Departamento de Descentralização do Desenvolvimento, Mococa, SP, Brasil.
Email: webervbs@yahoo.com.br

³Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Pirassununga, SP, Brasil

⁴APTA, Instituto de Zootecnia, Nova Odessa, SP, Brasil

⁵Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

The leptin protein hormone is involved in metabolic processes that maintain energy homeostasis and amount of reserves necessary for animal maintenance and production. Because of its importance, the leptin gene (LEP) has been widely investigated in several species in order to provide information to improve production efficiency. This study aimed to investigate the variability of the LEP gene by SSCP technique in 12% polyacrylamide gel. There were investigated 240 sheep from five native breeds (Barriga Negra, BN (N = 38), Cara Curta, CC (N = 48), Cariri, CA (N = 44), Morada Nova, MN (N = 26), Santa Inês, SI (N = 12)) and three commercial breeds (Dorper, SD (N = 41), Suffolk, SU (N = 15), Ile de France, IF (N = 16). The conformational polymorphism of DNA was characterized by the presence of four alleles, called A, B, C, D. The allele B was more frequent in all populations, except in CC, DP and MN; the allele D did not occurred in MN, SI and IF. Fisher's test revealed that studied populations were in Hardy-Weinberg equilibrium. The FST value was highly significant ($P < 10^{-4}$), revealing genotypic differentiation among populations. The LEP gene polymorphism observed will be associated to production data in order to find molecular marker that may assist the selection of superior genotypes for yield traits.

Subir

F54 POSTER

ASSOCIATION STUDY OF A CAST GENE SNP WITH MEAT TENDERNESS IN *Bos indicus* CATTLE

M.M. SOUZA¹, S.C.MÉO-NICIURA², P.C. TIZIOTO¹, P.S.N. OLIVEIRA¹, F. SIQUEIRA³, A.N.ROSA³, L.O. CAMPOS DA SILVA³, R. DE ALMEIDA TORRES³, S.R. MEDEIROS³, R.R. TULLIO², M.M. ALENCAR², L.C.A. REGITANO³

¹Pós-Graduação em Genética e Evolução, UFSCar, SP, Brasil.

²Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil.

³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil.

Tenderness is the main trait appreciated by beef consumers. During the postmortem period the μ -calpain protein is responsible for fiber muscle degradation, helping to tenderize meat. The central modulator of μ -calpain activity is the CAST gene product, the Calpastatin protein. The SNP A/G identified in the 3'UTR region of CAST have been already reported as associated with tenderness in populations composed of *Bos taurus* animals. The aim of this study was to evaluate the association of this SNP with tenderness in a *Bos indicus* cattle population. For this, 111 animals were genotyped using TaqMan[®] probes in Real Time PCR. Phenotypic data were obtained by the Warner Bratzler shear force (SF) method at 24 hours postmortem. The statistical analysis used a mixed model including fixed effects of contemporary group and genotypes, age of the animal at the time of measurement and pH as a covariate and the random effect of bull. It was not found significant association between the SNP in CAST gene and SF in this Nellore breed population. This result could be due to the limited number of animals. Thus the sample size must be increased to conclude whether this SNP is usefull for explaining the variation of SF in this population of Nellore breed.

Subir

F55 POSTER

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS STRS LIGADOS À REGIÕES CANDIDATAS NOS CROMOSSOMOS 4 E 14 COM CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO EM GADO DE CORTE

SOUSA, S.L.G.¹, QUIRINO, C.R.², NUNES, A.S., SOUSA FILHO, G.A.², TEIXEIRA, C.S.³, BAGALDO, A.R.¹, ANDREA, M.V.¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB- Bahia;

²Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF – Rio de Janeiro;

³Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG – Minas Gerais;

Marcadores microssatélite são excelentes marcadores para estudos de localização de QTLs, quando se analisam características poligênicas. Neste contexto objetivou-se associar locos microssatélites, ligados a regiões candidatas nos cromossomos 4 e 14 às características Área de Olho de Lombo (AOL), Espessura de Gordura de Cobertura de Picanha (EGCP), Espessura de Gordura de Cobertura (EGC), Marmoreio (MAR) e peso em bovinos de corte. Para tanto foram utilizados os primers microssatélite BM1500, CSSM66 e BM8215, citados na literatura como associados a regiões candidatas. Após serem computados os resultados dos animais dos grupos genéticos G1- Guzerá, G2- Nelore; G3- ½ Guzerá x ¼ Limousin x ¼ Nelore, G4 - ½ Guzerá x ¼ Simbrasil x ¼ Nelore e G5 - ½ Guzerá x ¼ Simental x ¼ Nelore, testados para os locos microssatélites citados, foi feita a análise estatística (SAS, 1996), para associação entre os dados quantitativos e moleculares. Dos três locos analisados, só foram encontradas associações entre as características AOL, EGCP, EGC, Peso e MAR e os tamanhos de alelo do marcador BM1500, com o alelo BM1500*138 apresentando maiores valores para as características EGC, EGC e AOL na análise dentro dos grupos G1, G3, G4 e G5, tendo sido encontrado no G2 maiores valores para as mesmas características nos animais portadores do alelo BM1500*140. Conclui-se que as informações de associação de marcadores ligados a genes candidatos devem ser sempre avaliadas por população de estudo.

Subir

F56 POSTER

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS BY APPLYING RANDOM REGRESSION MODELS FOR TEST-DAY IN BUFFALOES AT A FARM IN CORDOBA STATE

NAUDIN A. HURTADO-LUGO^{1,2}, ROBERTA B. A. RODRIGUES¹, DIERCLES F. CARDOSO¹, MAISA DA C. NAKAGAWA², DANIELE A. RODRIGUES¹, RAUL ASPILCUETA-BORQUIS¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO², PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, MÁRIO CERÓN-MUÑOZ², LARISSA ZETOUNI¹, LUCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, HUMBERTO TONHATI¹.

¹Faculty of Agriculture and Veterinary Sciences, State University of São Paulo, Jaboticabal (UNESP), 14884900, SP, Brasil.

²Faculty of Agriculture Sciences, University of Antioquia, Med, Colombia.

The random regression models (MRA) have been used to study the individual lactation curves as deviations from the mean by the use of polynomial ordinary linear functions. The buffalo production is a recent activity in Colombia and in the area of genetic improvement are scarce research developed using MRA. The objective of this study was to estimate genetic parameters by applying MRA for the Test-Day in dairy buffalo in a farm in Cordoba State (Colombia-South America). A total of 5,386 milk yield records were analyzed, corresponding to 1,546 first lactations of crossbred buffalo cows. Variance components were estimated using the WOMBAT statistical package. It also included contemporary groups (month and year of control) and age of the cow at calving (linear and quadratic effects) as fixed effects. Several Legendre polynomials were used, and the residual variances modeled using a class of variance with 4 residual classes. The Akaike and Schwarz Bayesian information criteria suggested that the best model corresponded to that one that considered the seventh-order (additive effect), sixth-order (permanent environmental) and four residual classes. Heritabilities ranged from 0.10 to 0.33 during lactation. The results indicated that the variances differ in the course of lactation, so it is necessary to model a structure with heterogeneity of variances.

Subir

F57 POSTER

PROCEDURES FOR QUALITY CONTROL OF GENOTYPES USED IN GENOMIC EVALUATIONS OF HEREFORD AND BRAFORD CATTLE IN BRAZIL¹

MAURICIO M. OLIVEIRA², ROBERTO H. HIGA³, RONYERE O. ARAÚJO⁴,
THAÍSA S. LACERDA⁴, SAMUEL R. PAIVA^{5,6}, ALEXANDRE R. CAETANO^{5,6},
CLAUDIA C. G. GOMES⁷, FERNANDO F. CARDOSO^{6,7}

¹Funded by Embrapa SEG Grant 02.09.07.004. ²CAPES-PNPD Scholar, ³Embrapa Agriculture Informatics, ⁴University of Brasilia, ⁵Embrapa Genetic Resources & Biotechnology, ⁶CNPq Scholar, ⁷Embrapa Southern Region Animal Husbandry, Brazil

The objective of this study was to apply different quality control criteria to determine which samples and/or loci had to be removed from a final dataset which will be analyzed for generating genomic predictions for tick resistance. Blood samples were collected with MGM cards from a total of 2,161 Hereford and Braford bulls and heifers evaluated by the Delta G Connection breeding program. DNA was extracted from two 6 mm discs with standard lab protocols and each sample was genotyped with the Illumina BovineSNP50 v2 BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA) for a total of 54,609 single-nucleotide polymorphisms (SNP). Samples with call-rates below 90% (41 samples) and outliers (± 3 standard deviations) for average heterozygosity (21 samples) were removed; however, in total 50 samples were excluded, because 12 failed both criteria. SNPs with call-rates below 90% (548 in total) as well as SNPs fixed or with little information content (minor allele frequencies $< 3\%$, 6,774 SNPs) were removed. Finally, a total of 3,378 SNPs were discarded for showing extreme Hardy-Weinberg disequilibrium (± 4 standard deviations). The total number of SNPs eliminated by all three criteria was 9,877, since 823 failed more than one criterion. A total of 44,732 SNP and 2,111 samples were considered of high quality and informativeness and will be used for genome-wide association studies and genomic selection for tick count and other production traits on this population.

Subir

F58 POSTER

POLYMORPHISM IN EXON 10 OF THE GROWTH HORMONE RECEPTOR GENE IN NELLORE CATTLE.

DIÉRCLES F. CARDOSO¹, FÁBIO R.P. SOUZA¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, PATRÍCIA D. S. FONSECA¹, FERNANDA M. M. GIL¹, MILENA G. CHIQUITELLI¹, NAUDIN A. HURTADO-LUGO¹, LÚCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, MARIA EUGÊNIA Z. MERCADANTE², HUMBERTO TONHATI¹

¹São Paulo State University, Jaboticabal-SP, Brazil

²Animal Science Experimental Station, Sertãozinho-SP, Brazil

The growth hormone gene acts in the organism when it is linked to its receptor, the GHR, in the surface of the target cells, so polymorphisms in the GHR gene may affect the action of GH and also the phenotypic performance of production traits. The aim of this work was to identify polymorphisms in the exon 10 of GHR gene in Nellore cattle in order to associate them with growth traits. Ninety eight animals from the Animal Science Experimental Station, Sertãozinho-SP, Brazil, were genotyped with the aim to identify polymorphisms described in European cattle. The DNA was extracted from blood samples and fragment of 342 bp from exon 10 was amplified by PCR. The RFLP was done with the restriction enzyme *AluI*. The allele G presented the fragments of 191 bp and 151 bp and the allele A presented the fragments of 191 bp, 101 bp and 50 bp. The allelic frequency was 0.65 for allele A and 0.35 for allele G. The genotypic frequencies were 0.38, 0.55 and 0.07 for AA, AG and GG respectively. The results indicate that the PCR-RFLP/*AluI* is efficient to detect the polymorphism in the exon 10 of the *GHR* in Nellore cattle characterizing a variation in a possible candidate gene for important economic traits.

Financial Support: FAPESP.

Subir

F59 POSTER

ASOCIACIÓN DE TRES SNPS DEL GEN CAST CON TERNEZA DE LA CARNE DE NOVILLOS BRANGUS

MARIANA MOTTER¹, GRACIELA MARRUBE¹, PABLO CORVA², XIMENA DOXANDABARAT¹, MARÍA MIQUEL², JULIANA PAPALEO MAZZUCO², EDGARDO VILLARREAL², LILIA MELUCCI², CARLOS MEZZADRA², ALEJANDRO SCHOR³ Y LILIANA SORIA¹

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA. ²Unidad Integrada Balcarce (EEA-INTA/Fac. Cs. Agrarias, UNMDP); ³Facultad de Agronomía, UBA. Argentina. Isoria@fvet.uba.ar

El objetivo del trabajo fue evaluar el efecto de tres SNPs del gen de la Calpastatina sobre la terneza de la carne de novillos engordados sobre pasturas en Argentina. Se utilizaron 242 novillos Brangus de 9 establecimientos diferentes (origen) con registros de fuerza de corte (Warner-Bratzler, WB) en muestras de carne con maduración de 1, 7 y 14 días (tratamientos 1, 2 y 3, respectivamente). Se diseñaron tres métodos de PCR-RFLP para determinar genotipos, utilizando las enzimas *HpyCH4IV* para el SNP1 (nuevo SNP hallado en el promotor III, T/C, posición 97359271 de NC_007305, Btau 4.2), *RsaI* para el SNP2 (G/C en intrón 5, posición 282 de AY008267) y *DdeI* para el SNP3 (G/A en 3'UTR, posición 2959 de AF159246). El efecto de cada marcador sobre WB se evaluó mediante un modelo que incluyó los efectos fijos de tratamiento, origen y genotipo, considerando el animal como efecto aleatorio. La interacción entre tratamiento y cada SNP no fue significativa ($P>0,05$). Los promedios de WB (kg) y errores estándares de mínimos cuadrados de cada genotipo fueron, para el SNP1: CT ($n=37$): $7,28\pm0,17$ y TT ($n=205$): $7,06\pm0,08$, para el SNP2: CC ($n=78$): $6,85\pm0,12$, CG ($n=138$): $7,18\pm0,09$ y GG ($n=26$): $7,30\pm0,20$ y para el SNP3: AA ($n=164$): $7,07\pm0,09$, AG ($n=71$): $7,13\pm0,12$ y GG ($n=11$): $7,13\pm0,39$. Solo se halló asociación significativa con WB en el caso del SNP2 ($P<0,05$). Estos resultados sugieren un efecto beneficioso del alelo C del SNP2 sobre la terneza de la carne de novillos Brangus.

Subir

F60 POSTER

A IMPORTÂNCIA DA INCLUSÃO DE GRUPOS GENÉTICOS NA ESTIMATIVA DE DIFERENÇAS ESPERADAS NAS PROGÊNIES

GERSON ANTÔNIO DE OLIVEIRA JÚNIOR¹; LUÍS GUSTAVO FIGUEIREDO¹;
ELISANGELA CHICARONE DE MATTOS¹; JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ¹;
JOANIR PEREIRA ELER¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Cx Postal 23, 13.650-900, Pirassununga – SP, Brasil – gjunior@usp.br

A inclusão de grupos genéticos é uma técnica que permite que animais de paternidade desconhecida tenham uma melhor estimativa de suas DEPs quando avaliadas em programas de melhoramento genético. Com vista às mudanças na eficiência no processo seletivo dos animais, o objetivo deste trabalho foi comparar o efeito da inclusão de grupos genéticos (GG) na ordenação dos animais participantes de uma avaliação genética. Dois diferentes valores de DEPs foram estimados, sendo um com a inclusão de GG na avaliação e outro não. Foram calculados os coeficientes de correlação de Pearson e Spearman, através do procedimento PROC CORR do pacote estatístico SAS, com informação de 232.584 DEPs de animais da raça Nelore. As características avaliadas foram: peso a desmama (PD), ganho de peso ao sobreano (GPSOB), perímetro escrotal aos 18 meses (PE18) e musculosidade aos 18 meses (MUSC18). Os animais foram classificados em filhos de reprodutores múltiplos (RM) e filhos de pais conhecidos. Os coeficientes de correlações variaram de moderado a alto nas características avaliadas. Pelo método de Pearson os valores estiveram entre 0,55 e 0,96, e por Spearman de 0,53 a 0,99. Conclui-se a luz destes resultados que a inclusão de GG afeta a classificação dos animais pelo seu mérito genético e o uso desta metodologia entra como uma importante ferramenta para minimizar os erros nas predições de valores genéticos, influenciando nas estimativas das DEPs de animais com paternidade conhecida ou desconhecida.

Subir

F61 POSTER

ANÁLISIS DE POLIMORFISMOS DEL GEN *CAST* Y SU RELACIÓN CON CARACTERES PRODUCTIVOS Y DE CALIDAD DE CARNE EN PORCINOS

LARISA DELGADO¹, DANTE CHICARELLI², FERNANDO CARDUZA³,
GRACIELA MARRUBE⁴, LILIANA SORIA⁴, MARCELA LLOVERAS²

¹Universidad Nacional de San Martín. ²EEA-INTA Pergamino, ³INTA, Instituto Tecnología de Alimentos. ⁴Genética Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires. Argentina. Email: gmarrube@fvet.uba.ar

El objetivo de este trabajo fue analizar los SNPs: ss48397998, ss48398421 y *Ser638Arg* (GenBank M20160) del gen *CAST* y determinar el efecto sobre caracteres de crecimiento (velocidad de crecimiento y espesor de grasa dorsal), composición corporal (contenido de tejido magro) y atributos de calidad (terneza, pH45 y 24, color L*, a* y b* del músculo y de la grasa, capacidad de retención de agua y merma por goteo) de la carne porcina en poblaciones de cerdos en Argentina. Se genotiparon por PCR-RFLP, 104 ejemplares en tres experimentos: 1- Razas Duroc, Landrace y Yorkshire; 2- Cerdos vs Jabalíes y 3- Duroc vs. Chetapuy (raza local). Las frecuencias genotípicas fueron: SNP ss48397998 CC= 0.64, CT = 0.34 y TT = 0.02; SNP ss48397998 AA= 0.21, AG = 0.73 y GG = 0.6; y para el SNP M20160_638 AA= 0.52, AS = 0.42 y SS = 0.06. Sólo para la experiencia 3 se encontraron diferencias en velocidad de crecimiento para el SNP ss48398421. El genotipo AA creció más que el genotipo GG siendo el AG intermedio; los valores fueron de 1079, 1049 y 938 g/d ($p=0.046$). Para el SNP ss48397998 la carne del genotipo CC fue menos tierna que la de los genotipos CT y TT, 10.1, 8.5 y 9.8 libras ($P=0.05$) respectivamente. Estos resultados sugieren que existe variabilidad de los SNPs analizados en las poblaciones de cerdos argentinos estudiadas, lo que justificaría aumentar el tamaño muestral para validar el efecto de dichos marcadores en poblaciones de cerdos locales.

Subir

F62 POSTER

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS ATRAVÉS DE ESTIMATIVAS MULTI-CARACTERÍSTICAS PARA CRESCIMENTO DE OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS.

L. G. G. FIGUEIREDO¹, J.B.S. FERRAZ¹, J. P. ELER¹, E. C. MATTOS¹, P. RIPAMONTE¹, F. M. REZENDE¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Cx Postal 23, 13.650-900, Pirassununga – SP, Brasil figueiredolgg@gmail.com

O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos de características de desenvolvimento ponderal para ovinos da raça Santa Inês, utilizando análise multi-características. O banco de dados apresentou 26.963 animais no pedigree, dos quais 39,24 % (10.579) eram endogâmicos, com uma endogamia variando de 0,1 a 57,9% com média de 8,13%. As características analisadas foram peso aos 60 dias de idade (P60, N=6.260), peso aos 180 dias de idade (P180, N= 4.404) e peso aos 270 dias de idade (P270, N=3.223), ganho de peso 60 aos 180 dias de idade (GP120) e ganho de peso dos 60 aos 270 dias de idade (GP210). As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para efeitos diretos foram $0,17 \pm 0,02$ (P60); $0,37 \pm 0,03$ (P180), $0,42 \pm 0,03$ (P270); $0,17 \pm 0,05$ (GP120) e $0,14 \pm 0,04$ e para os coeficientes para herdabilidade materna, $0,05 \pm 0,01$ (P60); $0,03 \pm 0,01$ (P180) e $0,06 \pm 0,03$ (GP120), indicando potencialidade a seleção para estas características. As correlações indicam que não existem antagonismos para a seleção em conjunto destas características, pois variaram de 0,04 a 0,92 e, em geral, foram positivas e de magnitude moderada a alta, e as respostas correlacionadas podem ser importantes nesse cenário. O efeito de ambiente permanente materno foi estimado para P60 e P180, onde se apresentaram de média a baixa magnitude, para P60 $0,15 \pm 0,01$; P180 $0,03 \pm 0,01$; GP120 $0,07 \pm 0,03$ e GP210 $0,11 \pm 0,02$.

Subir

F63 POSTER

ACURÁCIA DAS ESTIMATIVAS DOS VALORES GENÉTICOS OBTIDOS COM MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

DANIEL JORDAN DE ABREU SANTOS¹, MARIA GABRIELA DINIZ PEIXOTO², RUI DA SILVAVERNEQUE², JOÃO CLÁUDIO DO CARMO PANETTO², RUSBEL RAUL ASPILCUETA BORQUIS¹, GREGÓRIO MIGUEL CAMARGO¹, HUMBERTO TONHATI¹

¹Universidade Estadual Paulista – UNESP, Jaboticabal-SP

²Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG * Apoio financeiro: Fapemig, Fapesp e CNPq

Modelos de regressão aleatória estão sendo amplamente estudados como alternativa para a avaliação genética de animais para características de produção de leite. O objetivo deste estudo foi comparar métodos alternativos de avaliação genética para produção de leite na raça Guzerá. Foram analisados dados de produção de leite de 2.816 primeiras lactações de vacas Guzerá sob modelo de regressão aleatória (MRA), considerando dados de controles mensais, e modelo unicaracterística, considerando dados da produção de leite acumulada em 305 dias. O MRA teve a curva média ajustada por um polinômio de Legendre de quarta ordem e, os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, por um polinômio de terceira e sexta ordem. Para o resíduo, foram consideradas seis classes de variâncias residuais. A expectativa de acurácia das estimativas dos valores genéticos foi obtida com os dois modelos. Para o modelo unicaracterística (DEP305), a acurácia média obtida foi 0,535 e, para o MRA (MRA305), 0,553, representando um aumento de 3,6 % na média da acurácia pela utilização do MRA em substituição ao modelo unicaracterística. Para os touros, o valor da acurácia aumentou com o aumento no número de progênies, como esperado, sendo que a diferença entre os valores obtidos com o DEP305 e MRA305 foi praticamente constantes (2%). Dos 4010 animais avaliados pelo modelo unicaracterística, apenas 319 animais tiveram acurácia dos valores genéticos superiores aos valores obtidos com o MRA305. Estes resultados sugerem a possibilidade de ganho em acurácia pela utilização do MRA.

Subir

F64 POSTER

ESTIMAÇÃO DO COEFICIENTE MÉDIO DE ENDOGAMIA EM BOVINOS DA RAÇA SANTA GERTRUDIS

KARLA PRISCILA DE OLIVEIRA¹, KELLY PATRICIA DE OLIVEIRA¹, DANIELLY SOARES BATISTA¹, PATRICIA THOLON¹

¹Universidade Federal Rural do Semiárido – Mossoró/RN/Brasil.

O trabalho foi realizado no Departamento de Ciências Animais da Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), tendo por objetivo estimar o coeficiente médio de endogamia em bovinos da raça Santa gertrudis. Foram utilizadas informações de pedigree de animais provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Santa Gertrudis. O arquivo completo de dados era composto por cerca de 656.250 informações de animais nascidos entre 1903 e 2007. As características avaliadas foram: coeficiente médio de endogamia, número de animais endogâmicos na população e a porcentagem de indivíduos endogâmicos. Para cada animal foram utilizados dados referentes à data de nascimento, identificação do animal e identificação dos pais. Para a formação e consistência do arquivo de dados foi usado o programa computacional SAS®. A formação da matriz de parentesco e cálculo do coeficiente médio de endogamia foi feito utilizando o programa computacional MTDFREML, (Multiple trait derivative-free restructe maximum likelihood), sendo os coeficientes de endogamia de Wright (F) estimados utilizando-se a sub-rotina MTDFNRM do referido programa. A estimativa do coeficiente médio de endogamia na população estudada foi de 0,046 ou 4,6%, apresentando 28.940 indivíduos endogâmicos em um total de 228.501 animais na matriz de parentesco. A porcentagem de indivíduos endogâmicos na população foi de 12,66%. Devido à raça Santa Gertrudis ter sido formada através de acasalamentos endogâmicos pode-se concluir que o coeficiente de endogamia encontrado não é elevado. A porcentagem de indivíduos endogâmicos na população é considerada baixa devido ao grande número de animais que a compõe, sendo este valor equivalente a 12,66% em uma população de 228.501 animais.

Subir

F65 POSTER

CURVAS DE CRESCIMENTO PARA GENÓTIPOS DE FRANGOS CAIPIRAS

LARISSA K. WINKELSTROTTER, ALDRIN V. PIRES, VIVIAN D. TIMPANI, FLAVIANA M. GONÇALVES, SANDRA R. F. PINHEIRO, JOERLEY MOREIRA, JÉSSICA A. MIRANDA, ROGÉRIO C. VELOSO, EDUARDO D. S. CORDEIRO

Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – Faculdade de Ciências Agrárias - Departamento de Zootecnia – Campus Diamantina/MG/Brasil
Apoio financeiro: CNPq e Fapemig

Objetivou-se com este estudo comparar modelos não-lineares para descrever o crescimento de quatro genótipos de frangos caipiras: Colorpal, Gigante Negro, Pescoço Pelado e Caboclo. O experimento foi conduzido no setor de avicultura da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri em Diamantina-MG/Brasil. Os dados foram obtidos a partir de pesagens quinzenais dos frangos até 84 dias de idade. Foram avaliados cinco modelos de curvas: Brody, Gompertz e Logística, Von Bertalanffy e Richards. Os parâmetros dos modelos foram estimados pelo método de Gauss Newton modificado por meio do procedimento NLIN do SAS. Os critérios utilizados para selecionar o modelo que melhor descreveu a curva de crescimento foram: o coeficiente de determinação, desvio médio absoluto e quadrado médio do erro. Para todo os genótipos avaliados, os pesos estimados, através das curvas de crescimento, para a idade adulta são superiores ao peso dos animais obtidos aos 84 dias. Portanto, estes genótipos ainda estavam depositando músculo quando foram abatidos. Os genótipos que tiveram uma tendência a ter maior peso aos 84 dias, Pescoço Pelado e Colorpal, apresentaram melhor ajuste à curva de Gompertz. Para genótipos Gigante Negro e Caboclo que foram mais leves no final do experimento, mostraram um melhor ajuste à curva de Von Bertalanffy. Os modelos de Richards e Brody não se ajustaram ao padrão de crescimento de frangos caipiras. As curvas de crescimento mostram que quando usadas corretamente podem auxiliar na determinação do manejo e idade de abate ideal, aproveitando ao máximo o potencial genético da ave.

Subir

F66 POSTER

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICA DE DESEMPENHO EM DIFERENTES GRUPOS GENÉTICOS DE FRANGOS CAIPIRAS

ROGÉRIO C. VELOSO, VIVIAN D. TIMPANI, ALDRIN V. PIRES, FLAVIANA M. GONÇALVES, EDUARDO D.S. CORDEIRO, LUCÍLIA M.V. BALLOTIN, GUSTAVO H. DE F. CASTRO, DIEGO COIMBRA, GUSTAVO H. O. MENDES, ROSANE MOREIRA

Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri – Faculdade de Ciências Agrárias - Departamento de Zootecnia – Campus Diamantina/MG/Brasil
Apoio financeiro: CNPq, CAPES, FAPEMIG

O objetivo do trabalho foi avaliar características de desempenho de sete grupos genético (CPK, CG, PS, TRC, PP, GNG e CBC) de frango caipira nas fases de 1 a 28 dias, 29 a 56 dias e 57 a 84 dias de idade. Este trabalho foi conduzido no setor de avicultura da UFVJM em Diamantina/MG/Brasil. O experimento foi realizado em blocos casualizados, sendo os boxes constituídos pela sua posição no interior do galpão. As análises foram realizadas através do proc GLM do SAS, sendo as médias comparadas através do teste de Tukey. As características avaliadas foram consumo de ração, conversão alimentar e ganho de peso. Não houve diferença significativa entre os genótipos avaliados para ganho de peso. Para a característica consumo de ração, o genótipo que apresentou melhor desempenho, em todas as fases avaliadas, foi o CPK. O genótipo CBC foi o que teve pior desempenho para consumo de ração. Na fase de 1 a 28 dias, os genótipos GNG e CBC obtiveram melhor conversão alimentar, porém o CBC teve a pior conversão alimentar na fase de 57 a 84 dias. Para conversão alimentar na fase de 29 a 56 dias, o melhor genótipo para conversão alimentar foi PP e na fase de 57 a 84 dias foi o CPK. Os genótipos CG, OS e TRC não apresentaram diferenças para as características avaliadas em relação às outras linhagens estudadas.

Subir

F67 POSTER

GENOTIPAGEM POR PCR-RFLP PARA SNP NO GENE DA GRELINA EM BÚFALOS LEITEIROS DA RAÇA MURRAH (*Bubalus bubalis*)

FERNANDA M. M. GIL¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, DIÉRCLES F. CARDOSO¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, NAUDIN HURTADO-LUGO¹, HUMBERTO TONHATI¹

¹Universidade do Estado de São Paulo, Jaboticabal/SP, Brasil, fermonsalves@hotmail.com.

A grelina é um hormônio gastrointestinal e possui ação como liberador do hormônio do crescimento (GH). O GH age na distribuição de nutrientes para a produção de leite em vacas lactantes e também tem sido estudado em bubalinos leiteiros. Portanto, a grelina torna-se imprescindível na medida em que estimula a produção do GH e possibilita prováveis aumentos na produção de leite, além de exercer influência no metabolismo geral do organismo. O objetivo deste trabalho foi genotipar Búfalas leiteiras para o SNP (Single Nucleotide Polymorphism) G/A presente no íntron 2 do gene da Grelina. Para tanto, utilizou-se amostras de DNA de 120 búfalas da raça Murrah pertencentes a uma fazenda localizada no estado de São Paulo, Brasil. Para a genotipagem dos animais utilizou-se a técnica de PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism) utilizando a enzima *PciI*. Foram encontrados três padrões de migração representando os dois alelos e as três classes genotípicas. Para os genótipos GG, GA e AA, foram encontradas as seguintes frequências genotípicas, 0,800, 0,192 e 0,008, respectivamente. As frequências gênicas para os alelos G e A foram, 0,896 e 0,104, respectivamente. Futuros estudos incluem associações destes genótipos com características relacionadas a produção de leite em Búfalas da raça Murrah.

Apoio Financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Subir

F68 POSTER

ESTUDO DO PRIMEIRO INTERVALO ENTRE PARTOS E SUAS RELAÇÕES COM CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA MEDIDAS POR ULTRASSOM EM DUAS DIFERENTES IDADES EM REBANHOS DA RAÇA NELORE

MARCOS J. YOKOO¹, GUILHERME J. M. ROSA², CLÁUDIO DE U. MAGNABOSCO³, RAYSILDO B. LOBO⁴, ROBERTO D. SAINZ⁵, LUCIA G. ALBUQUERQUE⁶

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná, UNIOESTE-CCA, Marechal Cândido Rondon, Paraná, Brasil. E-mail: yokoomarcos@hotmail.com

²Department of Dairy Sciences, University of Wisconsin, Madison, WI, USA.

³Embrapa Cerrados, CNPAF, Planaltina, DF, Brasil.

⁴Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, ANCP, Ribeirão Preto, SP, Brasil.

⁵University of California, Department of Animal Science, Davis, CA, EUA.

⁶Universidade Estadual Paulista, UNESP-FCAV, Jaboticabal, SP, Brasil. Bolsista do CNPq e INCT-CA.

Objetivou-se com esta pesquisa estimar a herdabilidade (h^2) da característica reprodutiva primeiro intervalo de partos (PIEP) e as correlações genéticas (r_g) entre esta e as características de carcaça medidas por ultrassom (CCU) em animais da raça Nelore. O PIEP foi medido pela diferença entre o primeiro e segundo parto, em dias, mensurados em 7.648 fêmeas, provenientes de quatro rebanhos, nascidas entre 1977 e 2003. As CCU, área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EG) e espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) foram coletadas em animais com idades ao ano (A) e ao sobreano (S), durante quatro anos. Os parâmetros genéticos (PG) foram estimados em uma análise multi-característica, por meio do modelo animal, via algoritmo de *Gibbs Sampling*. Os PG estimados neste trabalho sugerem a existência de moderada à baixa variabilidade genética para PIEP ($h^2=0,11\pm0,03$), sendo que a seleção para a diminuição do PIEP de fêmeas Nelore deve responder pouco à seleção massal, contudo, sem causar antagonismo genético na seleção da AOL_A, AOL_S, EG_A, EGP8_A e EGP8_S (r_g variando entre -0,15 e 0,19), com exceção do decréscimo da EG_S, que no longo prazo poderá diminuir, por resposta correlacionada ($r_g=0,40\pm0,17$).

Subir

F69 POSTER

CARACTERIZAÇÃO DE POLIMORFISMO NO ÍNTRON 2 DO GENE DA GRELINA EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH (*Bubalus bubalis*) POR GENOTIPAGEM PCR-RFLP

FERNANDA M. M. GIL¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, PATRÍCIA D. DA S. FONSECA¹, DIÉRCLES F. CARDOSO¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, NAUDIN HURTADO-LUGO¹, HUMBERTO TONHATI¹

¹Universidade do Estado de São Paulo, Jaboticabal/SP, Brasil, fermonsalves@hotmail.com.

A grelina é um hormônio gastrointestinal e um potente estimulador da liberação do hormônio de crescimento (GH) além de influenciar o metabolismo geral do organismo. Em bovinos, o GH é considerado um dos mais importantes hormônios galactopoiéticos e está associado à produção de leite e seus constituintes como também, às suas porcentagens no leite. Assim, a caracterização do gene da grelina em búfalos torna-se importante, sendo este gene, proposto como gene candidato para identificação de marcadores genéticos relacionados a características de crescimento, carcaça e produção de leite. O objetivo deste estudo foi caracterizar as frequências gênicas e genóticas do polimorfismo T/C presente no íntron 2 do gene da grelina em búfalos da raça Murrah. Foram utilizados 160 animais pertencentes a uma fazenda localizada no estado de São Paulo, Brasil. A genotipagem foi realizada por PCR-RFLP (Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism) utilizando a enzima de restrição *Tsp45I*. Foram obtidos três padrões de migração representando os dois alelos e as três classes genóticas. A frequência gênica do alelo T foi 0,484 e do alelo C foi 0,516. Os genótipos TT, TC e CC foram encontrados nas frequências de 0,212, 0,544 e 0,244, respectivamente. Estes resultados demonstram que há alta heterozigosidade e boa distribuição dos alelos entre os animais, tornando este polimorfismo, ideal para estudos de associação com características de interesse econômico em búfalas leiteiras da raça Murrah.

Apoio Financeiro: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Subir

F70 POSTER

EXPRESIÓN EN MUSCULO SEMITENDINOSO DE GENES DEL EJE GH-IGF Y RELACIONADOS CON LA ADIPOGENESIS EN TERNEROS PUROS HEREFORD Y CRUZA-F1 BONSMARAXHEREFORD AL AÑO DE VIDA.

PIRELLI, J., ASTESSIANO A.L., LAPORTA, J., ESPASANDIN, A.C., CARRIQUIRY M

Departamento de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, UdelaR, Uruguay.

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de la cruce Bonsamara-Hereford sobre la expresión muscular de genes relacionados con el crecimiento. Se utilizaron ternero/as nacidos de vacas Hereford inseminadas con toros Bonsmara (n=40) o Hereford (n=35). En una submuestra de 16 terneros (n= 6, 6, 4, para BH-M, BH-H y HH-H, respectivamente) se tomaron al año de vida muestras del músculo *Semitendinoso* mediante biopsias. Se extrajo el ARN total con TRIzol® y se determinó la abundancia de ARNm de receptor de hormona de crecimiento (GHR), factor de crecimiento similar a la insulina -I (IGF-I), su proteína de unión-3 (IGFBP3), receptor activador de la proliferación de peroxisomas gamma (PPAR γ), proteína de unión del elemento regulador de esteroides 1 (SRBP1) mediante SYBR-Green RT-PCR en tiempo real, usando el gen hipoxantina-guanina-fosforribosiltransferasa (HPRT) como control endógeno. La expresión (número de moléculas) de los genes de interés en relación a la expresión de HPRT, fueron analizados usando un modelo que incluyó el genotipo y sexo como efectos fijos. La expresión de ARNm de GHR, IGF-I y IGFBP3 no fue afectada ($P>0,56$) por genotipo ni por el sexo de los terneros. La expresión de PPAR γ y SRBP1 no fue afectada por el genotipo pero el ARNm de PPAR γ tendió ($P=0,10$) a ser mayor en BH-H que BH-M y el ARNm de SRBP1 fue mayor en hembras que machos. La expresión de genes relacionados con la adipogénesis fue mayor en hembras que machos al año de vida.

Subir

F71 POSTER seleccionado como presentacion oral

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN BOVINOS CRIOLLOS URUGUAYOS UTILIZANDO MICROSATÉLITES Y ADN MITOCONDRIAL.

EILEEN ARMSTRONG¹, ANDRÉS IRIARTE¹, AMPARO MARTÍNEZ², MATÍAS FEIJOO³, JOSÉ LUIS VEGA-PLA⁴, JUAN VICENTE DELGADO², ALICIA POSTIGLIONI¹

¹Área Genética. Departamento de Genética y Mejora Animal. Facultad de Veterinaria (UDELAR). Montevideo, Uruguay. ²Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. Córdoba, España. ³Sección Evolución y Sistemática. Facultad de Ciencias (UDELAR). Montevideo, Uruguay. ⁴Laboratorio de Genética Molecular, Servicio de Cría Caballar y Remonta, Córdoba, España.

Los bovinos Criollos Uruguayos comprenden 600 animales coexistiendo en un hábitat de montes indígenas y serranías (Sur-Este de Uruguay). Se caracterizan por su alta diversidad alélica y heterocigosis. Se presentan análisis de marcadores genéticos moleculares nucleares: microsatélites (MS) y citoplasmáticos: región D-loop hipervariable del ADN mitocondrial (DNAmít), a los efectos de caracterizar nuestra población en el contexto iberoamericano, conociendo su diversidad, relaciones filogenéticas y posible nivel de introgresión, comparándola con poblaciones de Europa y América Latina. Se analizaron 64 animales tomados al azar para un conjunto de 17 MS promovidos por la FAO/ISAG y 28 crías de una misma generación para DNAmít. Sus secuencias nucleotídicas se compararon con aquellas correspondientes a los consensos europeos (haplotipos T y T3) y africanos (haplotipo T2). Se obtuvo un promedio de 5,59 alelos/locus; un promedio de heterocigosis esperada de 0,664; un contenido de información polimórfica (PIC) entre 0,36 y 0,82 y un bajo F_{IS} global ($F = 0.037$). La región D-loop (240pb) mostró la presencia de tres haplotipos y una diversidad de 0,532: el haplotipo UY1 (65%), similar al T (haplogrupo taurino europeo), el UY2 (25%), similar al T3 y el UY3, similar al consenso europeo. Estos resultados permiten considerar un subgrupo sudamericano (Caracú brasileiro, Criollo Patagónico, Criollo Argentino, Criollo Uruguayo y Pampa Chaqueño) distante de otras poblaciones americanas.

Subir

F72 POSTER

POLIMORFISMO DEL GEN LEPTINA EN VACAS EN EL SISTEMA DOBLE PROPOSITO EN MEXICO

ORTIZ, S.J.A.¹, C. CORTEZ^{1*}, B. RUÍZ², J. GALLEGOS¹, J.G. HERRERA¹.

¹Programa en Ganadería, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, km. 36.5 Carretera México–Texcoco, Montecillo, Texcoco, Edo. de México.

²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Chiapas, Chiapas.*Correspondencia: E-mail: ccortez@colpos.mx (Cesar Cortez Romero).

La leptina es una hormona proteica de 16 KDa, compuesta de 146 aminoácidos sintetizada por el tejido adiposo. La mutación del gen leptina está asociada con la calidad de la carne y leche en bovinos. El objetivo de este estudio fue estimar las frecuencias genotípicas y alélicas del polimorfismo del gen leptina en el exon 2, en vacas del sistema de producción de doble propósito. El polimorfismo fue determinado mediante la técnica Tetra Primers (Amplification Refractory Mutation System Polymerase Chain Reaction - AMRS-PCR). Se evaluaron 120 vacas y las frecuencias genotípicas y alélicas fueron analizadas con la prueba de equilibrio de Hardy-Weinberg por el método de las cadenas de Markov. El 40% de las vacas fueron raza Suizo Americano, 20% Simental y el 14.2% de Cruzas raciales de dichas razas (*Bos taurus* x *Bos indicus*). El análisis de resultados para el polimorfismo del gen leptina mostró que solo el 22% de las vacas presentaron el genotipo TT (gen mutado); 36% el genotipo CC (homocigótico) y 42% el genotipo CT (heterocigótico). La frecuencia del genotipo CT se observó en mayor frecuencia en todas las razas y/o cruzas evaluadas con respecto a los genotipos CC y TT (χ^2 , $P<0.05$). La frecuencia genotípica TT fue baja en las vacas evaluadas y se debe principalmente, al criterio de selección y reemplazos de vaquillas, hecho sin considerar la información de los registros genealógicos y productivos de los progenitores.

Subir

F73 POSTER

PADRONIZAÇÃO DA TÉCNICA DE PCR- RFLP PARA GENOTIPAGEM DE BOVINOS DA RAÇA NELORE (*Bos indicus*) PARA O GENE FSHR

PATRÍCIA D.S. FONSECA¹, FÁBIO R. P. DE SOUZA¹, MARIA E. Z. MERCADANTE², LÚCIA G. DE ALBUQUERQUE¹, FERNANDA M. M. GIL¹, GREGÓRIO M. F. DE CAMARGO¹, DIÉRCLES F.CARDOSO¹, LARISSA ZETOUNI¹, CAMILA U. BRAZ¹, NAUDIN HURTADO-LUGO¹, HUMBERTO TONHATI¹

¹Universidade Estadual Paulista – Unesp, Jaboticabal-SP, Brasil.

²Instituto de Zootecnia – Centro de Pesquisa em gado de corte, Sertãozinho-SP, Brasil

O gene FSHR está localizado no cromossomo 11 e é constituído de 2.375 pb. Seu canal de recepção possui 10 exons e 3 íntrons. No que diz respeito a reprodução esse gene apresenta importante papel na síntese de proteínas que estimulam o crescimento de folículos tendo grande influência na manifestação da puberdade, podendo estar relacionado a precocidade sexual em novilhas. Para este trabalho foram utilizados amostras de DNA de animais da raça Nelore pertencentes ao rebanho do Instituto de Zootecnia de Sertãozinho. Foram feitas reações de PCR para o volume final de 15µL. O programa de amplificação foi de: um ciclo para desnaturação 95°C por 5'; 30 ciclos com desnaturação 95°C por 45'', pareamento dos primers 66.1°C por 40'', e extensão a 72°C por 45''. O ciclo de extensão final foi de 72°C por 5'. Os fragmentos foram analisados através da técnica de PCR-RFLP (Restrictions Fragment Length Polymorphism) . Foi utilizada para reação a enzima de restrição AluI para aplicação da técnica para caracterização do polimorfismo. Com isso foram encontrados dois padrões de migração: GG e CG representando duas classes genotípicas. Esta técnica se mostrou precisa para identificação dos genótipos. Estudos futuros farão à proporção desses genótipos dentro do rebanho e serão feitas tentativas de associações com características de interesse econômico em bovinos da raça Nelore.

Apoio: CNPq e Fapesp.

Subir

F74 POSTER

ENVIRONMENTAL EFFECTS AND VARIANCE COMPONENTS OF BIRTH WEIGHT IN DAIRY GOATS IN BRAZIL

MARCUS VINÍCIOS DA FONSECA¹, DANIEL CARNEIRO DE ABREU², CAREN PALUDO GHEDINI²

¹Zootechnist autonomous. ²Departamento de Zootecnia, Campus UFV, s/n., Viçosa, MG, Brazil.

This study was aimed at the evaluating the environmental effects on birth weight (BW) of 1225 Saanen, Parda Alpine and Toggenburg, males and females, born 2004 and 2007. The mean was 3.65 kg. There were not found significant differences among contemporary groups of birth, breeds or genetic compositions. Sex, twinning and their interaction were significant ($P<0.01$). Linear and quadratic affects of age of doe at kidding were also significant ($P<0.01$). Estimates were obtained using the Restricted Maximum Likelihood Method, with the MTDREMIL program, assuming an animal model. The estimative of direct additive genetic, maternal, residual variance component and heritability for BW obtained were 0.176, 0.159, 0.289 and 0.23, respectively. Goats BW studied showed moderate magnitude of heritability. Thus, it can be genetically improved.

Subir

F75 POSTER

CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS DE MATRIZES E PROGÊNIES DE ANIMAIS DA RAÇA NELORE CRIADOS NO PANTANAL – BRASIL

ROSANA MOREIRA DA SILVA¹, JÚLIO CESAR DE SOUZA¹, LUIS OTAVIO CAMPOS DA SILVA², FABRÍCIO JOSÉ PARISI DA FONSECA³, LUCIANO TADEU PEREIRA FERREIRA³, MAURÍCIO VARGAS DA SILVEIRA¹, JOSE ANTÔNIO FREITAS⁴ E ANDRÉA GONDO²

¹Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Departamento de Pós-Graduação em Ciência Animal, Campo Grande, Brasil. ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, Brasil. ³Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Graduação em Zootecnia, Aquidauana, Brasil. ⁴Universidade Federal do Paraná, Departamento de Medicina Veterinária, Palotina, Brasil.

O trabalho objetivou estimar as correlações genéticas para características de peso aos 120 (P120), 205 (P205) e aos 420 (P420) dias de idade entre matrizes e progênies da raça Nelore, criados no Pantanal - Brasil. Utilizou-se 2.888, 2.732, 2.003 informações para as características P120, P205 e P420, respectivamente, das matrizes e 5.294, 5.033 e 3.320 informações para P120, P205 e P420, respectivamente, para as progênies, cedidas pelo convênio da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e Associação Brasileira dos Criadores de Zebuínos (ABCZ). As correlações foram obtidas por análises utilizando o modelo animal bicaracter, por meio do programa MTDFREML sendo que, para cada característica tomada na matriz (vaca) considerou-se como característica (1), e quando tomada na progênie (produto) considerou-se característica (2). Como efeito fixo utilizou-se grupo de contemporâneos [estação (seca e águas) de nascimento, ano, sexo e fazenda] e a idade da vaca (linear e quadrática). Como efeito aleatório utilizou-se o efeito aditivo direto e materno, além do efeito não correlacionado do ambiente permanente de vaca. As estimativas de correlações genéticas entre os pesos de matrizes e progênies foram positivas e altas. A maior correlação foi encontrada entre P205 das matrizes e das progênies (0,96), seguido pela correlação de P120 entre matriz e progênie (0,84) e por ultimo a correlação do P420 (0,66) entre matriz e progênie. A seleção pelas características de crescimento nas matrizes revela acarretar resposta correlacionada satisfatória para as progênies.

Subir

F76 POSTER

CONSANGUINIDAD EN UN RODEO DE CERDOS PAMPA ROCHA EN URUGUAY

WASHINGTON BELL, GABRIEL ROVERE, NELSON BARLOCCO, ANTONIO VADELL, RAQUEL PÉREZ-CLARIGET, JORGE I. URIOSTE

Facultad de Agronomía, UDELAR. Garzón 780, Montevideo, Uruguay.

La Facultad de Agronomía (FAGRO) mantiene hace 17 años un rodeo de cerdos Pampa-Rocha, única raza criolla de Uruguay, con el objetivo de conservar, caracterizar y desarrollar productivamente este biotipo. Con orígenes en los cerdos introducidos durante la colonia y aportes de razas como Poland China y Berkshire, fue mantenida por pequeños productores por su adaptación a condiciones de producción limitantes. Se evaluó la consanguinidad promedio (F) en el rodeo mantenido por FAGRO, utilizando información de 150 individuos y el programa informático ENDOG. El valor de F estimado fue 0,83% y se considera aceptable. Sin embargo, el 10% de los individuos presentan F superiores al 3% (algunos incluso con más de 10%), y el 30% de estos individuos integran el rodeo actual. La población de referencia (con ambos padres conocidos) es de 119 individuos (79,3%), sin embargo de una generación más atrás solo se conoce el 39,8% de los padres y este valor cae al 20 y 5% al retroceder una o dos generaciones más. Esta debilidad en la genealogía utilizada podría inducir una subestimación de F . En este sentido, se estimó también el Coeficiente de Parentesco promedio que no requiere conocer la genealogía, obteniendo un valor de 8,76%. La subestimación de F se vería confirmada al observar los individuos fundadores (con ambos padres desconocidos), donde 21 individuos contribuyen a la población de referencia, con un Tamaño efectivo (N_e) de 11, y en donde 4 individuos aportan el 50%. El N_e de la población es de 41. Los resultados indican claramente la necesidad de planificar apareamientos de mínima consanguinidad y procurar aumentar el tamaño y diversidad del rodeo.

Subir

F77 POSTER

INTERACAO GENÓTIPO AMBIENTE PARA IDADE AO PARTO EM FEMEAS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO NORMAS DE REAÇÃO

FABIO FERRARI¹, FERNANDO BALDI¹, ARIONE BOLIGON¹, VANERLEI ROSO², LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE¹

¹Ciência Animal, UNESP, Jaboticabal, ²GenSys Consultores Associados S/S Ltda, Porto Alegre, Brasil

O objetivo do estudo foi detectar a presença de interação genótipo ambiente (IGA) para idade ao primeiro parto (IP), utilizando dados de 27.488 fêmeas Nelore, que participam do programa de melhoramento Conexão Delta G. A média±desvio-padrão para IP foi 1.037±102.632. O gradiente ambiental (GA) foi definido pela media ajustada de ganho de peso pós-desmama (MAJP) de cada grupo de contemporâneo (GC). Agrupando os GC com MAJP semelhante foram criadas 8 classes de GA, sendo que as médias de cada classe foram: 186; 230; 252; 268; 285; 302; 330; 382 gramas/dia. O grupo contemporâneo (GC) foi definido por fazenda ao nascimento e ao sobreano, ano e estação de nascimento, grupos de manejo (ao nascimento, à desmama e ao sobreano). Registros de IP fora da amplitude ± 3.5 desvios-padrão dada pela media do GC foram excluídos. O modelo incluiu o efeito aditivo (EA) como aleatório e o GC como fixo. O EA foi modelado através de polinômios lineares de Legendre sobre os GAs. A variância residual foi modelada como homogênea ou heterogênea (oito ou quatro classes). As funções de covariância foram estimadas utilizando o pacote Wombat. De acordo com os valores de BIC, o modelo considerando quatro classes de variância residual foi o mais apropriado. A medida que o GA aumentou (maior MAJP), as estimativas de variância genética aditiva para IP aumentaram, assim como a herdabilidade para IP que variou de 0,10 até 0,18. As estimativas de correlações genéticas entre os GA foram maiores a 0,88. Os resultados do presente estudo sugerem a presença de IGA para IP.

Subir

F78 POSTER

GENOTYPIC AND AMINO ACID COMBINATIONS RESULTING FROM SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS IDENTIFIED AT BOVINE IGE

LAURA EMMANUELLI, ILEANA RIVERA, MELVIN PAGAN*, ESBAL JIMENEZ, GUILLERMO ORTIZ

Department of Animal Science, University of Puerto Rico at Mayaguez, Mayaguez, PR, USA, 00681-9000 *Presenting author email: melvin.pagan1@upr.edu

Bovine immunoglobulin E (IgE) was selected as a candidate gene to study potential variations in resistance to gastrointestinal parasites infection and anthelmintic efficiency as related to nucleotide substitutions. A total of 32 Senepol*Charolais heifers were genotyped for single nucleotide polymorphisms (SNPs) located at IgE exon # 2, which encodes part of the immunoglobulin heavy chain constant region (GenBank Accession#: U63640). These SNPs were previously described as a cytosine/guanine silent transversion (alanine), a cytosine/thymine substitution that changes a polar amino acid (proline) by another (leucine), and 3 other SNPs corresponding to a proline (non polar) to histidine (basic), proline to glutamine (polar), and an asparagine (polar) to aspartic acid change. A total of 14 genotype combinations were identified with frequencies in the range of 0.031 (8 different combinations), 0.063 (4 combinations), 0.12 (four animals; CA-CA-G-T-C) to 0.38 (12/32; C-A-G-T-C). Nucleotide substitutions resulting in alteration of the amino acid classification corresponded to genotypic frequencies of AA/Proline 0.22, CC/Histidine 0.44, CA/Proline-Histidine 0.34; AA/Proline 0.50, CC/Glutamine 0.12, CA/Proline-Glutamine 0.38; and AA/Asparagine 0.06, GG/Aspartic Acid 0.78, GA/Asparagine-Aspartic Acid 0.16. Therefore, it seems that within these animals the amino acid classification of basic-non polar-acid-non polar-non polar is favoured. Because polymorphism at IgE has been implicated in resistance to gastrointestinal nematodes infection in ovines, the effects of the nucleotide/residue profiles reported herein in bovines needs further evaluation to elucidate potential association with susceptibility/resistance to gastrointestinal nematodes, immune response and overall health.

Subir